

보도일시	배포 즉시
	2025. 3. 11.(화)
문의	담당자: 지성령 직원(02-876-1279)
	연구단장/연구책임자 채준석 교수(02-880-1279) / 교신저자
	채정병 연구원/ 제1저자

■ 제목/부제

제목	한국 신종 피코나바이러스(부세피바이러스) 보고
----	---------------------------

■ 요약

연구 필요성	<p>신생 송아지 설사(neonatal calf diarrhea, NCD)는 세계적으로 송아지의 주요 건강 문제 중 하나로, 높은 이환율과 폐사율을 초래하며 경제적 손실을 유발한다. 기존 연구에서는 다양한 박테리아, 바이러스, 기생충이 NCD의 원인으로 보고되었지만, 여전히 상당수의 설사 사례에서 원인 병원체가 밝혀지지 않고 있다.</p> <p>최근 피코르나바이러스 계열의 새로운 바이러스인 '<i>Boosepivirus(BooV)</i>'가 일본, 중국, 미국에서 송아지 설사와 관련이 있는 것으로 보고되었지만, 한국에서는 이에 대한 연구가 전무한 상황이다. 따라서, 국내 한우 송아지에서 BooV의 유병률과 유전적 특성을 규명하는 것이 필수적이며, 이는 새로운 감염병 관리 및 백신 개발의 기초 자료가 될 수 있다.</p>
연구성과/ 기대효과	<p>이번 연구를 통해 '<i>Boosepivirus(BooV)</i>'가 한국 내 한우 송아지 설사에서 가장 높은 검출률(35.7%)을 보이며, 단독 감염된 사례가 다수를 차지한다는 점을 최초로 규명하였다. 또한, 유전체 분석을 통해 국내 BooV가 BooV B 계열에 속함을 확인하였으며, 기존 BooV B1, B2와는 일부 차이를 보이는 새로운 유전적 특징을 제시하였다.</p> <p>이 연구는 국내 송아지 설사의 원인 병원체에 대한 이해를 넓히는 동시에, 기존 감염병 진단 체계를 개선하는 데 기여할 수 있다. 향후 BooV 감염의 병원성 연구와 백신 개발을 위한 기초 자료로 활용될 수 있으며, 이를 통해 국내 축산업의 생산성 향상 및 경제적 손실 감소에 기여할 것으로 기대된다.</p>

<p>Abstract</p>	<p>Importance: Despite advancements in herd management, feeding, and pharmaceutical interventions, neonatal calf diarrhea (NCD) remains a major global health concern. Bacteria, viruses, and parasites are the major contributors to NCD. Although several pathogens have been identified in the Republic of Korea (ROK), the etiological agents of numerous NCD cases have not been identified. Objective: To identify, for the first time, the prevalence and impact of Boosepivirus (BooV) on calf diarrhea in the ROK.</p> <p>Methods: Here, the unknown cause of calf diarrhea was determined using metagenomics We then explored the prevalence of certain pathogens, including BooV, that cause NCD. Seventy diarrheal fecal samples from Hanwoo (<i>Bos taurus coreanae</i>) calves were analyzed using reverse transcriptase and quantitative real-time polymerase chain reaction for pathogen detection and BooV isolate sequencing.</p> <p>Results: The complete genome of BooV was detected from unknown causes of calf diarrhea. And also, BooV was the most frequently detected pathogen (35.7%) among 8 pathogens in 70 diarrheic feces from Hanwoo calves. Co-infection analyses indicated that most BooV-positive samples were solely infected with BooV, indicating its significance in NCD in the ROK. All isolates were classified as BooV B in phylogenetic analysis.</p> <p>Conclusions and Relevance: This is the first study to determine the prevalence and molecular characteristics of BooV in calf diarrhea in the ROK, highlighting the potential importance of BooV as a causative agent of calf diarrhea and highlighting the need for further research on its epidemiology and pathogenicity.</p>
<p>Journal Link</p>	<p>https://www.vetsci.org/DOIx.php?id=10.4142/jvs.24148</p>

■ 본문

□ 연구배경

신생 송아지 설사(neonatal calf diarrhea, NCD)는 세계적으로 송아지의 주요 질병 중 하나로, 높은 이환율과 폐사율을 초래하여 축산업에 큰 경제적 손실을 발생시킨다. 기존 연구에서 다양한 병원체(박테리아, 바이러스, 기생충)가 송아지 설사의 원인으로 밝혀졌지만, 여전히 많은 사례에서 원인을 규명하지 못하고 있다.

최근 일본, 중국, 미국에서 '*Boosepivirus*(BooV)'가 송아지 설사와 관련된 새로운 병원체로 보고되었으나, 한국에서는 이에 대한 연구가 부족한 실정이다. 본 연구는 국내 한우 송아지에서 BooV의 유병률과 유전적 특성을 최초로 분석하여, 송아지 설사의 원인 규명 및 질병 관리 전략 수립에 기여하고자 한다.

□ 연구 방법

2022년 한우 송아지 설사 샘플 70건(설사 분변)을 수집하여, bovine rotavirus(BRV), bovine coronavirus(BCV), bovine viral diarrhea virus (BVDV, 바이러스성 설사 바이러스), *Cryptosporidium parvum*(원충), *Giardia* spp., *Eimeria* spp. 등 기존 병원체와 함께 BooV를 검사하였다. 메타게놈 분석 및 PCR 기법을 활용하여 BooV 감염 여부를 확인하였으며, 유전체 염기서열분석 및 계통발생학적 분석(phylogenetic analysis)을 수행하여 국내 BooV의 유전적 특성을 비교하였다.

□ 연구결과

BooV가 70건 중 25건(35.7%)에서 검출되어, 가장 높은 검출률을 보였다. BooV 양성 샘플 중 80%가 단독 감염, 나머지 20%는 BRV, BVDV와 동시 감염된 것으로 나타났다. 유전체 분석 결과, 국내 BooV는 BooV B 계열에 속하며, 기존의 BooV B1, B2와는 일부 차이를 보였다. 계통 분석을 통해, 한국의 BooV는 일본 및 중국에서 보고된 BooV와 높은 상동성을 가지지만, 독자적인 변이를 포함하고 있음이 확인되었다.

□ 결론 및 기대 효과

본 연구는 한국에서 BooV가 한우 송아지 설사의 주요 원인 병원체일 가능성이 높음을 최초로 규명하였으며, BooV의 유전적 특성을 분석하여 송아지 질병 연구의 기초 자료를 제공하였다. 향후 BooV의 병원성 연구 및 백신 개발을 위한 기반을 마련할 수 있으며, 이를 통해 국내 축산업의 생산성 향상과 경제적 손실 감소에 기여할 것으로 기대된다.

□ 연구자

- 성 명 : 채 준 석
- 소 속 : 서울대학교 수의과대학 수의학과 교수
- 연락처 : 02-880-1279, jschae@snu.ac.kr