

< Original Article >

전북 서부지역 송아지 설사병 원인체 조사

김광현* · 이지영 · 곽길한 · 조현웅
전라북도 동물위생시험소 서부지소

Prevalence of bovine diarrhea disease from Korean native calves in Jeonbuk western area

Kwang Hyun Kim*, Ji-Young Lee, Gill-Han Kwak, Hyun Ung Cho

West-Branch, Jeonbuk Veterinary Service Laboratory, Geongup 56134, Korea

(Received 27 October 2020; revised 23 March 2021; accepted 23 March 2021)

Abstract

This study was performed to investigate the causative agents of diarrhea disease from Korean native calves in Jeonbuk western area. A total of 273 samples were collected in 2019. Analysis of causes of diarrhea shows that BVDV 8.1% (22/273), BRVA 17.6% (48/273), BCV 7.7% (21/273), *E. coli* 13.6% (37/273), *Clostridium* 5.1% (14/273), Parasite 1.1% (3/273) and other 46.9% (128/273) were detected. For major virus diseases (according to dietary changes), less 1 month 9.1% (2/22), 1~3 months 18.2% (4/22), 4~6 months 18.2% (4/22), 7~13 months 36.4% (8/22) and over 13 months 18.2% (4/22) in BVDV, less 1 month 10.4% (5/48), 1~3 months 60.4% (29/48), 4~6 months 4.2% (2/48), 7~13 months 4.2% (2/48) and over 13 months 20.8% (10/48) in BRVA, and less 1 month 23.8% (5/21), 1~3 months 23.8% (5/21), 4~6 months 23.8% (5/21), 7~13 months 19.0% (4/21) and over 13 months 9.5% (2/21) in BCV could see that the infection of the pathogen changed due to dietary changes. In particular, the infection rate of the BVDV is the highest at 36.4% (8/22) between 7~13 months, which requires the need to build research on the PI's that could have the effect of spreading the disease, different from those of BCV and BRVA. These results are likely to contribute to improving the productivity of raising at Korean native cattle.

Key words : BVDV, BRVA, BCV, Korea native cattle

서론

현재 소 바이러스성 설사병(Bovine viral diarrhea virus, BVDV), 소 코로나바이러스(Bovine Coronavirus, BCV), 소 로타바이러스(Bovine Rotavirus A type, BRVA), 살모넬라(*Salmonella* spp.), 병원성 대장균(Pathogenic *Escherichia coli*), 클로스트리듐(*Clostridium* spp.), 크립토스포리듐(*Cryptosporidium*) 및 콕시듐(*Coccidium*) 등은 설사병의 주요 원인체 중의 하나이며 각 병원체는 설사 외에 다양한 질환 등과 연관되어 있거나 복합적

감염을 일으키고 있다. 특히 이러한 질병들은 송아지 감염 시 성장을 방해하며 높은 폐사율을 일으키고 육성기 이상에서는 복합감염되어 농가 경제적 큰 손실을 입히고 있다(Waltner et al, 1986; Kwang et al, 2001; Heo et al, 2008; Cha et al, 2011; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

BVDV은 *Togaviridae*의 *Pestivirus*에 속하는 단일 가닥의 RNA 바이러스이며, 돼지의 Classical Swine Fever Virus (CSFV)와 면양의 Border Disease Virus (BDV)와 같은 유형에 속한다. 유전적 염기서열의 변화에 따라 type 1과 type 2로 나눌 수 있는데 두 type 모두 소화기 이상, 복합적인 호흡기 질병 그리고 잠재적

*Corresponding author: Kwang Hyun Kim, E-mail. kikisaram@korea.kr
ORCID <https://orcid.org/0000-0003-3416-5754>

인 불임, 유산, 사산, 유약자 등과 같은 생식기 질병과 연관이 있는 것으로 알려져 있다(Choi, 2012; Bezerra et al, 2019; Figueiredo et al, 2019). 특히 다양한 질환의 형태로 송아지 성장을 방해하며 높은 폐사율을 일으키는 것으로 인식된다. 또한, 호흡기 질병과의 연관성이 있다는 많은 연구가 보고되었으며, 농가에서 송아지 생산을 방해하는 생식기 질병을 일으키는 것으로도 알려져 있다(Ridpath et al, 1994; Song et al, 2009; Song et al, 2010; Choi, 2011; Cho et al, 2014; Oguejiofor et al, 2019).

BCV는 Coronaviridae의 Coronavirus에 속하는 단일 가닥의 RNA 바이러스이며, 구형 또는 다형성의 비리온(virion)을 가지며 세포질 내에 증식하고 소포체나 골지체에 출아하는 바이러스이다. 송아지뿐만 아니라 육성 이상의 소에서 급성질환을 일으키는 원인체이다. 또한, BRVA, 크립토스포리듐, 병원성 대장균과 복합감염이 자주 발생하여 예후가 불량하고 비좁이나 타액 또는 기침 등의 비말에서도 전파되어 높은 이환율을 보이지만 폐사율은 낮다(Waltner et al, 1986; Kwang et al, 2001; Heo et al, 2008; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

BRVA는 Reoviridae의 Rotavirus에 속하는 이중가닥의 RNA 바이러스이며, 구형입자로 세포질 내에 증식한다. 주로 송아지에서 급성 설사를 일으키나 모든 연령의 소나 돼지에서 발병률이 높고 폐사율은 기온 등의 환경적 요인과 세균 등의 복합감염 등 여러 요인에 의해 높아진다. 항원성에 의해 분리되나 고열, 백혈구 감소증, 호흡기 및 유사산 등에서도 관여하기도 한다(Waltner et al, 1986; Kang et al, 2001; Heo et al, 2008; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

살모넬라는 그람음성 통성혐기성간균으로 소에서 급성으로 설사 및 패혈증을 일으키는 세균으로 송아지에서 설사는 유행성으로 발병되며 간혹 성우에서 살모넬라가 집단 발생하는 때도 있다. 주로 *S. Typhimurium*, *S. Dublin*, 그리고 *S. enteritidis* 순으로 감염율이 높고 발열, 폐렴 등의 호흡기 및 산발적인 조사산을 일으키는 것으로 알려져 있다(Waltner et al, 1986; Kang et al, 2001; Heo et al, 2008; Cha et al, 2012; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

병원성 대장균은 그람음성 통성혐기성 소간균으로 일반적 설사의 원인균이기도 하다. 소에서는 일반적으로 독소원성 세균이 설사와 연관이 있으며, verotoxin 및 enterotoxin을 생산하여 설사와 더불어 점액변이나 혈변을 일으킨다(Waltner et al, 1986; Kang et al,

2001; Heo et al; 2008; Cha et al, 2012; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

클로스트리듐은 그람양성 혐기성 아포성 간균으로 *Clostridium perfringens*가 주로 소에서 설사를 일으키며, enterotoxin을 생산하여 괴사성장염을 일으키는 원인체이기도 하며, 반복적 감염을 통해 악성수종으로 악화되는 경우도 있다(Waltner et al, 1986; Kang et al, 2001; Heo et al, 2008; Cha et al, 2012; Kim et al, 2012; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

원충성 질병으로 대표되는 크립토스포리듐과 콕시듐은 세포질 외 기생하며 주로 소장 점막상피에 감염되어 미용모를 소실시켜 흡수 불량에 의한 설사를 나타내며 어린 연령 또는 면역저하 개체에서 발생하는 것으로 알려져 있다(Kwon et al, 2000; Baek et al, 2014).

이 설사 병원체에 의한 감염 이외 유질불량, 급격한 대용유 교체, 과잉 급여 그리고 장관 과민증 등의 비감염성 원인, 불충분한 초유 섭취, 축사 오염, 환기 불량 등의 환경적 간접요인 등에 의한 설사 등이 원인으로 지적되고 있다(Kim et al, 2016).

설사를 일으키는 바이러스 및 원충성 원인체의 경우, 치료를 위한 효과적인 약물 및 방법이 개발되어 있지 않아 탈수를 보정 하는 등의 대응 치료 방법으로 포도당 및 하트만 등의 다양한 수액이 사용되고 있다. 이처럼 치료 방법이 질병 전파 속도보다 진부한 상태이기 때문에 농가 및 대동물 임상수의사들은 현재까지도 질병 관리 및 치료에 고전을 면치 못하고 있다(Heo et al, 2008).

이처럼 설사의 원인체에 의해 발생하는 질환으로 인한 농가 소득 등 경제적 피해 예방 및 질병 전파를 관리하는 방역 차원에서도 대책이 필요할 것으로 생각된다. 이에 본 연구는 전북 서부지역의 한우 송아지에서 발생하고 있는 설사와 관련된 원인체를 조사하여 현재 관내 지역에서 퍼져있는 각 설사병의 원인체의 발생률을 조사하여 효율적인 국가 방역 활동을 위해 제공하고자 한다.

재료 및 방법

공시재료

2019년 1월부터 12월까지 설사로 인한 원인체 검사 의뢰된 한우를 대상 동물로 선정하였으며, 전라북도

총 273두(정읍시 124두, 부안군 62두, 고창군 87두)에서 채취된 분변을 사용하였다. 분변의 채취는 멸균된 50 mL conical tube를 이용하였고, 채취 후 12시간 이내에 실험하되 실험 전까지 4°C에서 냉장 보관하였다.

RNA 추출 및 Real-time PCR

설사 분변을 PBS로 2배 희석하여 용해한 후 3,000 rpm에서 3분간 원심분리한 다음 상층액 150 µL를 취하고 Maxwell[®]RSC Viral kit (Promega, USA)을 사용하여 제조사의 지시에 따라 Lysis buffer 350 µL, Protein kinase 35 µL을 넣고 Elution tube에 Free water 100 µL를 넣어 공시된 방법에 따라 실행하였다.

Real-time PCR검사는 PowerCheck[™] Bovine Disease Virus Triplex Real-time PCR kit (Kogenebiotech, Korea)를 사용하여 실시하였다. Real-time RT-PCR Premix 15 µL와 분변에서 추출한 template RNA 5 µL를 넣어 PCR반응액을 제조하였고, Real-time PCR 전용 Cap으로 strip tube의 뚜껑을 닫고 Real-time PCR반응액과 RNA가 잘 혼합될 수 있도록 튜브를 가볍게 흔든 후 원심분리(spin-down)한다. 이 반응액을 QuantStudio5 (Applied Biosystems, USA)에서 50°C 30분, 95°C 10분 반응 후 95°C 15초, 60°C 1분씩 40회 반응을 진행시켜 결과를 확인하였다.

PCR (Polymerase chain Reaction)을 이용한 BVDV 항원검사

Real-time PCR로 확인된 항원 양성 개체에 대하여 BVDV의 재확인을 위해 추출된 RNA를 이용하여 특이유전자 증폭을 위해 i-D Maxime RT-PCR Premix kit (Intron, Korea)에 RNase free water 13 µL, F-primer (5'-GGCTAGCCATGCCCTTAG-3')와 R-primer (5'-GCCTCTGCAGCACCTAT-3')를 각각 1 µL 첨가하고 마지막으로 분변에서 추출한 template RNA 5 µL를 첨가하여 thermocyclar (Biometra, Germany)에서 45°C 30분, 94°C 15분 반응 후 94°C 10초, 50°C 10초, 72°C 15초씩 35회 반응을 진행하게 했고 최종 72°C에서 10분의 조건으로 반응하였다. PCR 반응을 완료한 후 한천Gel에 전기영동장치를 이용하여 증폭산물(249 bp)의 유무를 확인하였다.

세균 분리 및 동정

설사 분변을 Mueller Hinton broth에 12~24시간 호기 배양하여 그 후 Mueller Hinton Agar, MacConkey Agar 및 Blood agar(아산제약)에 도말 후 24~48시간 호기 배양하였다. 특히 집락을 MALDI Biotyper (BRUKER, Germany) 장비를 사용하여 제조사의 사용설명서에 따라 동정하였다. E.coli 독소는 동물질병표준진단요령(농림축산검역본부)의 소 질병편에 제공된 대장균증의 Target gene인 F5, F17, STX1, STX2, EAE 의 5가지 독소 Primer를 제공된 반응온도 및 PCR Premix kit (Intron, Korea)의 제조사의 사용설명서에 따라 독소 유무를 확인하였다.

기생충란 검출 및 동정

채취한 273두의 분변은 포화식염수를 이용한 부유법을 적용하였고, 분리된 충란은 형태학적으로 관찰하여 동정하였다.

실험적 통계

본 연구 결과의 통계 분석은 T test (IBM, Excel)를 사용하였으며, 전체 한우를 대상으로 하는 병원체 검출률 및 설사 발병률, 일령에 따른 병원체 검출률 및 설사 발병률에 대한 빈도 분석을 시행하였다. 특히 설사 발생과의 연관성 분석은 카이제곱검정을 통해 실시하였다.

결 과

분변 내 설사병 병원체 감염

전라북도 서부지소 2019년 1월부터 12월까지 설사병으로 원인체 검사 의뢰된 한우 273두의 분변에서 병원체 BVDV, BRVA, BCV, 대장균, 클로스트리듐, 기생충, 기타(기타 원인체 분리 및 원인미상)으로 검사한 결과, 중복 제외 BVDV 8.1% (22/273), BRVA 17.6% (48/273), BCV 7.7% (21/273), 대장균 13.6% (37/273), 클로스트리듐 5.1% (14/273), 기생충 1.1% (3/273), 기타 46.9% (128/273)가 감염된 것으로 나타났다(Table 1, Fig. 1~4).

Table 1. Prevalence of diarrhea causes in Korea native cattle

Area	No. of Sample	BVDV + Clostridium E. coli		BVDV + Parasite		BRVA + BVDV + Clostridium		BRVA + BVDV + Parasite		BRVA + Clostridium		BRVA + E. coli + Clostridium		BRVA + E. coli + Parasite		BRVA + E. coli + Clostridium + Parasite		BRVA + E. coli + Clostridium + Parasite + Etc.		
		4	13	1	4	1	23	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Jeong-eup si	125																			
Bu-an gun	52		5		2		2													
Go-chang gun	96		4		1		23													
Total	273 (100)	4 (8.1)	22 (8.1)	48 (17.6)	21 (7.7)	37 (13.6)	14 (5.1)	3 (1.1)	3 (1.1)	3 (1.1)	0	42								

*t-test P<0.05 vs each agent.

Amplification Plot

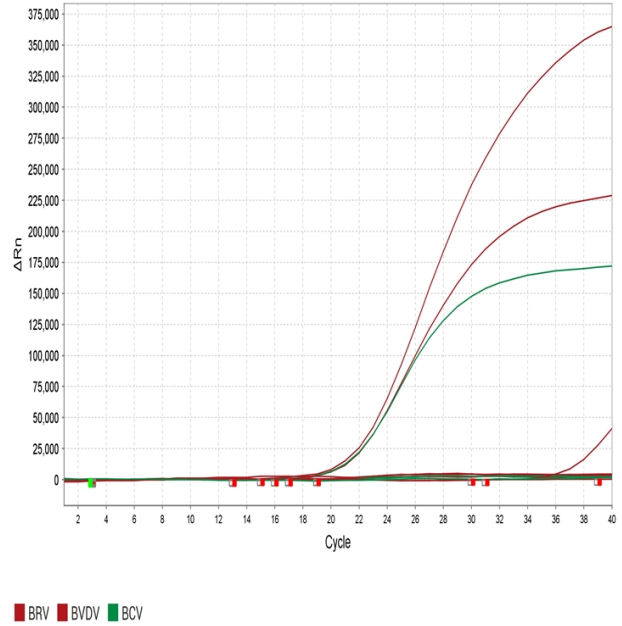


Fig. 1. Positive of BVDV Real-Time PCR.

Amplification Plot

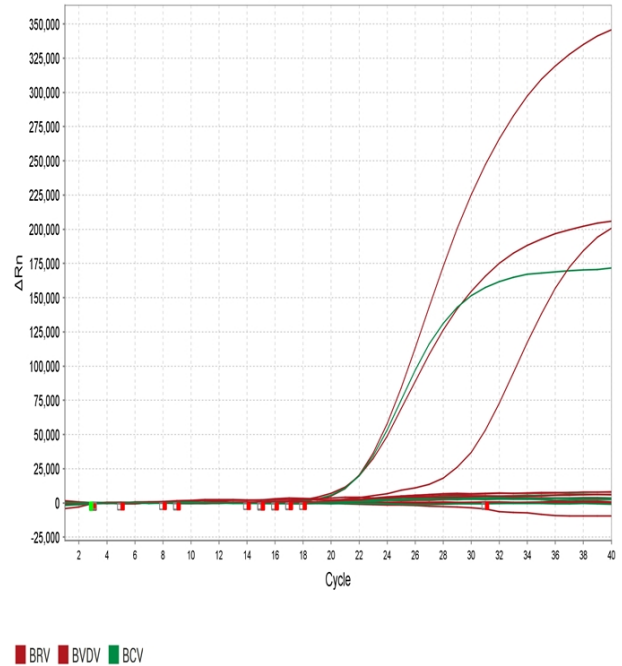


Fig. 2. Positive of BRVA Real-Time PCR.

지역별 병원체 설사 발병률

전라북도 서부지소 3개 시·군 내 지역별 설사 발병률을 살펴보면 2019년 1월부터 12월까지 설사병으로 원인체 검사 의뢰된 한우 273두 중 정읍시에서는 45.8%

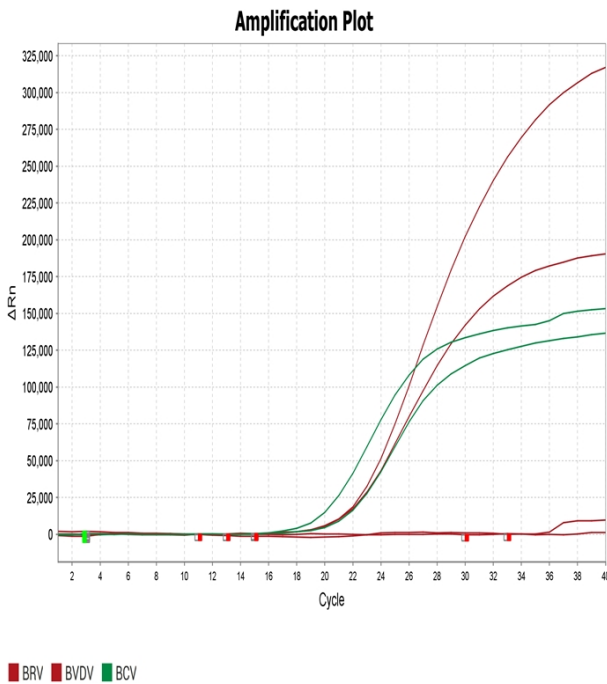


Fig. 3. Positive of BCoV Real-Time PCR.

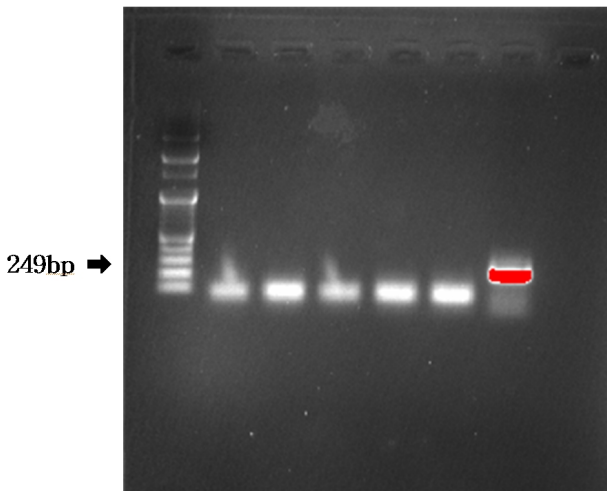


Fig. 4. Gel electrophoresis of BVDV by RT-PCR. Lane M: 100 bp molecular ladder. Lane 6: Positive samples, Lane 1, 2, 3, 4, 5: Negative and NC: negative control, Arrow and number on the right indicate the expected size of amplified BVDV gene.

(125/273), 부안군 19.0% (52/273), 고창군 35.2% (96/273)으로 나타났다.

지역별 원인체 검사에서 정읍시에서는 중복 제외 BVDV 10.4% (13/125), BRVA 18.4% (23/125), BCV 6.4% (8/125), 대장균 17.0% (17/125), 클로스트리듬 6.4% (8/125), 기생충 1.6% (2/125), 기타 43.2% (54/125)가 감염된 것으로 나타났고, 부안군에서는 중복 제외

BVDV 9.6% (4/52), BRVA 3.8% (2/52), BCV 3.8% (2/52), 대장균 13.5% (7/52), 클로스트리듬 5.8% (3/52), 기생충 1.9% (1/52), 기타 61.5% (32/52)가 감염된 것으로 나타났으며, 고창군에서는 중복 제외 BVDV 4.2% (4/96), BRVA 24.0% (23/96), BCV 11.5% (11/96), 대장균 13.5% (13/96), 클로스트리듬 3.1% (3/96), 기생충 0.0% (0/96), 기타 43.8% (42/96)가 감염된 것으로 나타났다(Table 1).

연령별 병원체 설사 발병률

한우에서 연령별로 1개월 미만, 1~3개월, 4~6개월, 7~13개월, 13개월 초과로 구분하여 병원체별 설사 발병률을 알아보았다. 1개월 미만에서는 중복포함 BVDV 6.9% (2/29), BRVA 17.2% (5/29), BCV 17.2% (5/29), 대장균 10.3% (3/29), 클로스트리듬 13.8% (4/29), 기생충 0.0% (0/29), 기타 34.5% (10/29)가 감염된 것으로 나타났으며, 2~3개월에서는 BVDV 3.6% (4/110), BRVA 26.4% (29/110), BCV 4.5% (5/110), 대장균 12.7% (14/110), 클로스트리듬 0.0% (0/110), 기생충 0.0% (0/110), 기타 52.7% (58/110), 4~6개월에서는 BVDV 8.0% (4/50), BRVA 4.0% (2/50), BCV 10.0% (5/50), 대장균 16.0% (8/50), 클로스트리듬 4.0% (2/50), 기생충 0.0% (0/50), 기타 58.0% (29/50), 7~13개월에서는 BVDV 17.4% (8/46), BRVA 4.3% (2/46), BCV 8.7% (4/46), 대장균 17.4% (8/46), 클로스트리듬 0.0% (0/46), 기생충 6.5% (3/46), 기타 45.7% (21/46), 그리고 13개월 초과에서는 BVDV 10.5% (4/38), BRVA 26.3% (10/38), BCV 5.3% (2/38), 대장균 10.5% (4/38), 클로스트리듬 21.1% (8/38), 기생충 0.0% (0/38), 기타 26.3% (10/38)로 나타났다(Table 2).

또한, 병원체 내 연령 별 발병률을 알아본 결과, BVDV에서는 1개월 미만 9.1% (2/22), 1~3개월 18.2% (4/22), 4~6개월 18.2% (4/22), 7~13개월 36.4% (8/22), 13개월 초과 18.2% (4/22), BRVA에서는 1개월 미만 10.4% (5/48), 1~3개월 60.4% (29/48), 4~6개월 4.2% (2/48), 7~13개월 4.2% (2/48), 13개월 초과 20.8% (10/48), BCV에서는 1개월 미만 23.8% (5/21), 1~3개월 23.8% (5/21), 4~6개월 23.8% (5/21), 7~13개월 19.0% (4/21), 13개월 초과 9.5% (2/21), 대장균 감염증에서는 1개월 미만 8.1% (3/37), 1~3개월 37.8% (14/37), 4~6개월 16.0% (8/37), 7~13개월 21.6% (8/37), 13개월 초과 10.8% (4/37), 클로스트리듬 감염증에서는 1개월 미만 28.6% (4/14), 1~3개월 0.0% (0/14), 4~6개월

Table 2. Prevalence of diarrhea causes by age

Age (Month)	No. of Sample	No. of infection (%)															
		BVDV + <i>E. coli</i>	BVDV + Clostridium	BVDV + Parasite	BRVA	BRVA + BRVA	BRVA + <i>E. coli</i>	BRVA + Clostridium	BRVA + BRVA + <i>E. coli</i>	BRVA + Clostridium + <i>E. coli</i>	BCV + <i>E. coli</i>	BCV + Clostridium	BCV + <i>E. coli</i> + Parasite	<i>E. coli</i> + Parasite + Clostridium	<i>E. coli</i> + Parasite + Clostridium + Parasite	<i>E. coli</i> + Parasite + Clostridium + Parasite + Parasite	Etc.
<1	29	2	1	1	5	1	1	1	5	1	1	1	3	4	1	0	10
1~3	110	4	1	1	29	1	2	1	5	1	1	1	14	0	0	0	58
4~6	50	4	1	1	2	2	1	5	8	1	1	1	8	2	0	0	29
7~13	46	8	1	1	2	1	1	4	8	1	1	1	8	0	3	3	21
>13	38	4	1	1	10	1	1	2	4	1	1	1	4	1	1	0	10
Total	273 (100)	22 (8.1)	1 (0.4)	1 (0.4)	48 (17.6)	21 (7.7)	21 (7.7)	37 (13.6)	37 (13.6)	14 (5.1)	14 (5.1)	14 (5.1)	14 (5.1)	14 (5.1)	3 (1.1)	3 (1.1)	128 (46.9)*

* t-test $P < 0.05$ vs each agent.

14.3% (2/14), 7~13개월 0.0% (0/14), 13개월 초과 57.1% (8/14), 기생충 감염증에서는 1개월 미만 0.0% (2/11), 1~3개월 0.0% (0/11), 4~6개월 0.0% (0/11), 7~13개월 100.0% (3/11), 13개월 초과 0.0% (0/11), 기타 감염증에서는 1개월 미만 7.8% (10/128), 1~3개월 45.3% (58/128), 4~6개월 22.7% (29/128), 7~13개월 16.4% (21/128), 13개월 초과 7.8% (10/128)로 나타났다.

연령별 병인체의 연관성을 살펴보면 관내 지역에서 기타 감염을 제외하고 1~3개월령에서 52두의 발생 건수로 가장 높은 발병률을 나타내고 있고 BRVA는 60.4%로의 높은 감염률을 보이며 그 외 다른 원인체도 1~3개월령에서 높은 감염률을 보이다가 성우로 갈수록 낮아지는 경향을 보이고 있다. 그러나 BVDV에서는 특이하게도 7~13개월령 사이가 36.4%로 가장 높은 감염률을 보이는 연령으로 나타났다.

고 찰

한우에서 설사병은 출생 후부터 도축될 때까지 농가의 소득을 감소시키는 요인으로 작용하는 경제적인 측면과 설사병으로 인해 발생된 식욕 저하, 탈수 등의 증상이 면역 저하로 이어져 이차적 감염을 높여 질병이 발생되는 방역적인 측면으로 볼 때 매우 주목할 필요가 있다(Kim et al, 2012). 한 연구에 따르면 설사병의 여러 병원체 중 BVDV 한 종류의 감염으로도 송아지 백만 마리당 일백억 원에서 사백억 원에 달하는 경제적 손실이 발생하였다는 보고도 있었다(House, 1999; Park et al, 2013). 그에 따라 여러 국가가 같은 맥락으로 근절 대책 등에 대한 고심을 하고 있으며, 다양한 RT-PCR법, ELISA 방법 등으로 질병의 청정화에 노력하고 있다(Kwon et al, 2000; Kang et al, 2001; Bae et al, 2007; Chon et al, 2007; Heo et al, 2008; Kim et al, 2012; Park et al, 2013; Baek et al, 2014; Kim et al, 2015; Kim et al, 2016; Koh et al, 2019).

그러한 노력의 일환으로 경남 남부지역에서는 관련 송아지 설사에 관하여 병성감정 의뢰된 송아지 및 1세 이하의 육성우 319건에 대하여 설사 주요 원인체인 BVDV, BRVA 및 BCV를 조사한 결과, 세 가지 주요 바이러스 감염률은 53.6% (171/319)이었으며, BRVA는 40.8% (130/319)였고, BVDV는 12.9% (41/319), 그리고 BCV는 분리되지 않았다고 보고된 바가 있으며 (Heo 등, 2008), 전라도, 경기, 충청 및 일부 경상도 지역에서 송아지 폐사와 관련 조사에서 BVDV는 8.1%

(25/34), BRVA (복합감염)는 7.4% (11/31) 및 BCV (복합감염) 6.0% (11/25)의 감염으로 폐사가 일어났다는 보고가 있는 등 여러 가지 송아지 설사 및 폐사에 대해 조사되었다(Kang et al, 2001).

본 조사는 2019년 1월부터 2019년 12월까지 전북 서부지역 한우에서 설사병 발생으로 연구소에 병성감정을 의뢰한 273두에 대한 원인체를 조사한 결과, 바이러스에 의한 설사병은 BVDV 8.1% (22/273), BRVA 17.6% (48/273), BCV 7.7% (21/273)로 앞서 조사된 경남 및 다른 지역의 BRVA의 감염이 높은 점과 비슷한 결과를 얻었으며, 그 외 BVDV 및 BCV의 감염율의 격차는 조사 방법 및 지역에서 오는 차이로 인한 것으로 판단된다.

또한, 연령별 병원체 설사 방별률을 보면 경남 남부 지역에서는 19일령 이하에서는 BRVA 55.1% (43/78), BVDV 5.1% (4/78), 20~39일령에서는 BRVA 33.0% (38/115), BVDV 7.8% (9/115), 40~60일령에서는 BRVA 38.0% (35/92), BVDV 17.4% (16/92) 및 60일령 이상에서는 BRVA 41.2% (14/34), BVDV 35.3% (12/34)로 조사되었다(Heo et al, 2008). 그러나 본 연구에서는 사료(우유, 농후사료 및 조사료)가 변경되는 시점으로 연구조사를 진행하여 보았다. 1개월령 미만에서는 초유 등의 우유를 먹는 기간으로 설정하였고, 1~3개월령 사이에서는 우유, 농후사료 등을 섭취하는 시기, 4~6개월령에서는 농후사료, 조사료를 먹기 시작하는 시기, 7~13개월령 사이에는 중기사료와 조사료를 먹는 시기, 13개월령 이후는 성우사료와 조사료를 먹는 시기로 구분하여 질병의 원인체를 살펴보았다.

이렇게 시기별로 구분하여 본 결과, 우유와 인공적인 농후사료를 섭취하는 시기인 1~3개월령 사이에 설사로 인한 의뢰 건수가 가장 많았으며, 주요 원인체가 아닌 다른 세균이 동정 되거나 원인을 알 수 없는 설사가 58건(52.7%)으로 많이 발생한 것을 확인할 수 있었고 다음으로 식이 변화가 일어나는 4~6개월령 사이가 29건(58.0%)으로 설사가 많이 발생 되는 것으로 조사되었다. 이는 식이 변화가 일어나는 것과 설사와의 상관성을 예측해 볼 수 있었으며, 유질불량, 장관의 과민증, 과잉급여 등이 식이 변화에 영향을 주는 대표적인 것으로 생각된다.

설사 원인체별 발생 시기의 상관성에서 특히 BVDV의 감염에 대해 주요하게 알아볼 필요가 있다. BVDV의 감염이 7~13개월령에 36.4% (8/22)로 가장 높은 것을 볼 수 있다. 수치적 유의성은 없지만 BVDV는 어릴 적 감염보다는 육성 송아지 시기에서 강한 유발

병원성이 있고 성장에 어떤 영향을 미치는지 등에 관한 정밀한 조사가 필요할 것으로 판단된다. 이에 관한 문헌 중 BVDV 백신을 접종하지 않은 생후 4~5개월령 송아지 혈액 31두에서 항원검출률이 6.4%인 조사가 있었으며(Chon et al, 2007; Kim et al, 2007), 6개월령에서 24개월령 사이에 임상형이 대부분 발생 된다는 조사가 있었다(Chon et al, 2007). 이러한 조사 결과와 본 조사의 결과로 볼 때, 관내 BVDV 송아지에서 영구감염(Persistently infected, PI)동물의 질병전파에 대한 파악이 필요할 것으로 생각하며, 경남 남부지역 젖소 사육 농가 44호를 대상으로 감염실태를 조사한 연구에서 PI 보유 농장은 항체 양성률이 67.4%로 일시적인 감염농장(45%)과 비감염 농장(34.5%)보다 높게 나온 보고가 있어 PI에 대한 송아지와 성우를 먼저 파악하고 격리하여 백신 등의 예방이 매우 필요하며 송아지 설사에만 국한하지 않고 타 질병과의 연관성을 파악할 수 있는 좀 더 많은 연구가 필요할 것으로 판단된다(Park et al, 2013).

본 연구 결과 전북 서부지역의 한우에서 설사와 관련된 질병 원인체의 분포 조사를 통해 그 지역의 방역 상황에 대처하거나 치료 방안 구축에 도움을 주고자 했다. 그 중 식이 단계별 연령 구분을 통해 비감염성 원인체에 의한 질병 추측 및 식이에 따른 원인체 감염의 조사 결과를 얻을 수 있었다. 또한, 중기 송아지의 BVDV 감염이 증가한 것으로 PI에 관한 연구가 폭넓게 진행되어야 할 필요성을 다시 느낄 수 있었으며, 연구 결과는 축산 농가에 건강한 소를 육성하여 농가 소득을 올리는 데 매우 중요한 역할을 할 것으로 생각 된다.

결 론

전라북도 동물위생시험소 서부지소 관할 지역에 설사병으로 원인체 검사 의뢰된 한우 273두를 대상으로 설사 원인체 분석 조사 결과, BVDV 8.1% (22/273), BRVA 17.6% (48/273), BCV 7.7% (21/273), 대장균 13.6% (37/273), 클로스트리듐 5.1% (14/273), 기생충 1.1% (3/273), 기타 46.9% (128/273)가 감염되어 있는 것으로 나타났다. 식이 변화에 따른 연령별로 조사한 주요 바이러스 질병의 경우, BVDV에서는 1개월령 미만 9.1% (2/22), 1~3개월령 18.2% (4/22), 4~6개월령 18.2% (4/22), 7~13개월령 36.4% (8/22), 13개월령 초과 18.2% (4/22), BRVA에서는 1개월령 미만 10.4%

(5/48), 1~3개월령 60.4% (29/48), 4~6개월령 4.2% (2/48), 7~13개월령 4.2% (2/48), 13개월령 초과 20.8% (10/48), BCV에서는 1개월령 미만 23.8% (5/21), 1~3개월령 23.8% (5/21), 4~6개월령 23.8% (5/21), 7~13개월령 19.0% (4/21), 13개월령 초과 9.5% (2/21)가 나타나 식이 변화에 따른 병원체의 감염이 달라짐을 알 수 있었다. 특히 BVDV의 감염률은 7~13개월령 사이가 36.4% (8/22)로 가장 높아 BCV 및 BRVA의 감염의 양상과 다르기 때문에 성우에서까지 그 질병 전파의 영향을 끼칠 수 있는 PI에 대한 연구 자료 구축의 필요성이 요구된다.

CONFLICT OF INTEREST

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

ORCID

Kwang Hyun Kim, <https://orcid.org/0000-0003-3416-5754>
 Ji-Young Lee, <https://orcid.org/0000-0001-9977-867X>
 Gill-Han Kwak, <https://orcid.org/0000-0002-1727-023X>
 Hyun Ung Cho, <https://orcid.org/0000-0001-9423-1130>

REFERENCES

- Bae YC, Kim HY, Park JW, Yoon SS, Woo GH, Lee OS, Kang MI. 2007. Prevalence for persistent infection with bovine viral diarrhea virus in Korean native calves. *Korean J Vet Res* 47(2): 163-167.
- Baek KH, Lee HK, Lee KH, Kim HY, Park JW, Lee BR, Her JW, Lee MH, Bae YC. 2014. Fatal cryptosporidiosis in a calf. *Korean J Vet Res* 54(4): 257-260.
- Bezerra NPC, Bezerra DC, Santos HP, Pereira HM, Silva ALA. 2019. Risk factors analysis applied to antibodies to Bovine Herpesvirus Type 1, Bovine Viral Diarrhea Virus, Bovine Leukemia Virus and Brucella abortus among cattle: a cross-sectional study. *Acta Veterinaria brasiliensis* March 13: 5-12.
- Cha CN, Lee YE, Choi H, Shin JS, Kim S, Lee SH. 2012. Therapeutic Effect of Dioctahedral Smectite on Diarrhea Caused by *E. coli* and *Salmonella* in Calves. *Journal of Biomedical Research* 13(2): 113-118.
- Cho YI, Yoon KJ. 2014. An overview of calf diarrhea - infectious etiology, diagnosis, and intervention. *J Vet Sci* 15: 1-17.
- Choi KS. 2011. Pathobiological Analysis of Bovine Viral Diarrhea Virus Identified in the Republic of Korea. *J Vet Clin* 28(3): 287-290.
- Choi KS. 2012. Acute BVDV-1b Outbreak in Korean Indigenous Calves. *J Vet Clin* 29(5): 395-399.
- Chon SK, Kim NS. 2007. Detection Rate of Bovine Viral Diarrhea Virus in Dairy Calves with Capture-ELISA. *Korean J Vet Clin* 24(2): 169-171.
- Chon SK, Park JH, Kim NS. 2007. Seroprevalence of Antigens to Bovine Viral Diarrhea Virus in Korean Calves of the Shown Healthy, Digestive and Respiratory Symptom. *J Vet Clin* 24(2): 150-153.
- Figueiredo PO, Oliveira DB, Figueiredo LB, Costa GB, Alves PA, Guedes MIMC, Barbosa-Stancioli EF, Drumond BP, Abrahão JS, Kroon EG, Trindade GS. 2019. Molecular detection and phylogeny of bovine viral diarrhea virus 1 among cattle herds from Northeast, Southeast, and Midwest regions, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* 50: 571-577.
- Heo JH, Cho MH, Lee KC, Park MN, Cho EJ, Choi MS, Kim CH, Kang JB, Kim EK, Kim JS. 2008. Detection of the etiological viruses from calves with clinical diarrhea in Gyeongnam south area. *Korean J Vet Serv* 31(3): 265-272.
- House H. 1999. Epidemiological features and economical importance of bovine virus diarrhoea virus (BVDV) infectious. *Vet Microbiol* 64: 89-107.
- Kang MI, Han DU, Chung YU, Chung DY, Lee Chai-Yong, Lee CG, Wee SH, Cho JJ. 2001. Survey on Korean-native Calves Diseases and Mortality. *Korean J Vet Res* 24(3): 223-241.
- Kim HT, Park MS, Lee GH, Lee KW. 2015. Study on prevalence of antigens to bovine viral diarrhea virus (BVDV) of Cattle in Busan area (2013~2014). *Korean J Vet Serv* 38(1): 43-49.
- Kim S, Kang JH, Lee CJ, Lee YS, Chae JB, Kang SW, Jeong SH, Yu DH, Jo A, Yoo JG, Choi KS, Kim HC, Park BK, Chae JS, Park J. 2016. Detection of diarrheagenic pathogens from feces and incidence of diarrhea in Korean calves. *Korean J Vet Serv* 39(3): 187-192.
- Kim WI, Cho YI, Kang SJ, Hur TY, Jung YH, Kim NS. 2012. Simultaneous Detection of Major Pathogens Causing Bovine Diarrhea by Multiplex Real-time PCR Panel. *J Vet Clin* 29(5): 377-383.
- Koh BRD, Kim HJ, Oh AR, Jung BR, Park JS, Lee JG, Na HM, Kim YH. 2019. Prevalence of enteropathogens in the Feces from diarrheic Korean native cattle in Gwangju area, Korea. *Korean J Vet Serv* 42(2): 93-112.
- Kwon OD, Jang JS. 2000. An outbreak of bovine coccidiosis in Korean native cattle. *Korean J Vet Serv* 23(2): 133-136.
- Oguejiofor CF, Thomas C, Cheng Z, Wathes DC. 2019. Mechanisms linking bovine viral diarrhea virus (BVDV) infection with infertility in cattle. *Animal Health Research* 20(1): 77-85.

- Park JS, Park JK, Cho EJ, Kim EG, Lee JM, Kim DK, Son SK. 2013. Prevalence of bovine viral diarrhea virus from dairy cattle farms in Gyeongnam southern area, Korea. *Korean J Vet Serv* 36(1): 7-13.
- Ridpath JF, Bolin SR, Dobovi EJ. 1994. Segregation of bovine viral diarrhea virus into genotypes. *Virology* 205, 66-74.
- Song MC, Choi KS. 2009. Outbreak of Bovine Viral Diarrhea Virus in Korean Indigenous Calf. *J Vet Clin* 26(6): 578-581.
- Song MC, Choi KS. 2009. Phylogenetic Analysis of Bovine Viral Diarrhea Virus from Nasal Swab Sample of Persistently Infected Cattle in Republic of Korea. *J Vet Clin* 26(6): 582-585.
- Song MC, Choi KS. 2010. Genetic Characterization of Bovine Viral Diarrhea Virus from Korean Indigenous Calves in Gyeongbuk Province. *J Vet Clin* 27(3): 220-224.
- Song MC, Choi KS. 2010. Phylogenetic Analysis of Bovine Viral Diarrhea Virus from Korean Indigenous Calves in Gyeongbuk Province. *J Vet Clin* 27(6): 635-639.
- Vilček Š, Herring AJ, Herring JA, Nettleton PF, Lowings JP, Paton DJ. 1994. Pestiviruses isolated from pig, cattle and sheep can be allocated into at least three genogroups using polymerase chain reaction and restriction endonuclease analysis. *Arch Virol* 136: 309-323.
- Vilček Š, Paton DJ, Durkovic B, Strojny L, Ibata G, Moussa A, Loitsch A, Rossmanith W, Vega S, Scicluna MT, Palfi V. 2001. Bovine viral diarrhoea virus genotype 1 can be separated into at least eleven genetic groups. *Arch Virol* 146: 99-115.
- Waltner-TD, Martin SW, Meek AH. 1986. Dairy calf management, morbidity and mortality in Ontario Holstein herds. I. Age and seasonal patterns. *Prev Vet Med* 4: 125-129.