

고온 환경에서의 젖소 생체 변화 밝혀

- 국립축산과학원, 전북대학교와 기후변화 대응 공동연구 수행
- 고온 환경에서 유전자 154개, 미생물 18개, 대사물질 9가지 변화 나타나
- 고온 스트레스 반응 지표 및 한국형 가축더위지수 개발에 활용 기대

여름철 폭염일수가 늘면서 젖소의 사료 섭취량이 줄고 성장 지연, 우유 생산량 감소와 품질 저하, 번식과 질병 문제 등으로 낙농가의 경제적 손실을 가져올 수 있어 대응이 필요하다.

농촌진흥청(청장 조재호) 국립축산과학원은 전북대학교(신동현 교수팀)와 축산분야 기후변화 대응 공동연구를 통해 고온 환경에서 젖소의 생체 변화를 분석하고 고온 스트레스 반응 지표로 활용할 수 있는 유전자, 미생물, 대사물질을 발굴했다.

연구진은 고온 환경에서 젖소(홀스타인종)의 생체 변화를 알아보기 위해 사육 조건을 적정 환경(기온 21-22도, 습도 50-60%)과 고온 환경(31-32도, 80-95%)으로 나눠 집단별 젖소의 혈액과 분변 시료를 수집했다.

이렇게 채취한 시료를 다중 오믹스 분석*기술로 젖소 체내와 장내에서 환경에 따라 다르게 발현되는 유전자와 미생물 조성, 혈액 대사산물 변화를 분석했다.

* 유전체, 전사체, 대사체, 미생물체 등의 데이터를 통합적으로 분석하는 기술

그 결과, 젖소에서 고온 스트레스와 연관된 154개의 유전자, 18개의 미생물(속), 9개의 혈액 대사물질을 발굴했다.

고온 환경에서 발현량이 증가한 154개 유전자는 주로 항상성 유지, 에너지 생산, 항균 작용, 면역 및 염증 반응 조절 등의 기능을 하는 것으로 분석됐다.

고온 환경에서 발현량이 2배 이상 증가한 18개 미생물 중에는 항염증 작용에 관여한다고 알려진 인테스티니모나스(Intestinimonas), 슈도플라보니프랙터(Pseudoflavonifractor) 등이 포함됐다.

고온 환경에서 감소한 9가지 대사물질에는 항산화 특성과 체내 에너지원으로 활용될 수 있는 리놀레산, 과당 등이 포함돼 있었다.

이번 연구는 고온 환경에 따른 젖소의 생체 반응 기작을 확인한 데 의미가 있다. 관련 유전자 등은 고온 스트레스 반응 지표로 활용할 수 있고, 젖소의 한국형 가축더위지수* 기준을 수립하기 위한 후속 연구에 큰 도움이 될 것으로 보인다.

* 바깥 온도(℃)와 상대습도(%)를 일정 값에 곱하여 가축이 체감하는 스트레스 정도를 객관적인 수치로 나타낸 지수

연구 결과는 국제학술지 ‘플로스 원(PLoS One, IF: 3.7) 3월호에 게재돼 학술적으로 가치를 인정받았으며, 특허출원도 준비하고 있다.

농촌진흥청 국립축산과학원 동물유전체과 윤호백 과장은 “첨단 기술을 적용해 고온 환경에서의 젖소 생체 변화를 더 세밀하게 확인할 수 있게 됐다.”라며, “다른 축종의 고온 스트레스 기작도 구명해 축종별 고온 스트레스 반응 지표와 한국형 가축더위지수 개발에 매진하겠다.”라고 말했다.

붙임. 젖소 고온 스트레스 연관 다중 오믹스 분석 결과

담당 부서	국립축산과학원 동물유전체과	책임자	과 장	윤호백 (063-238-7300)
		담당자	연구사	박원철 (063-238-7317)

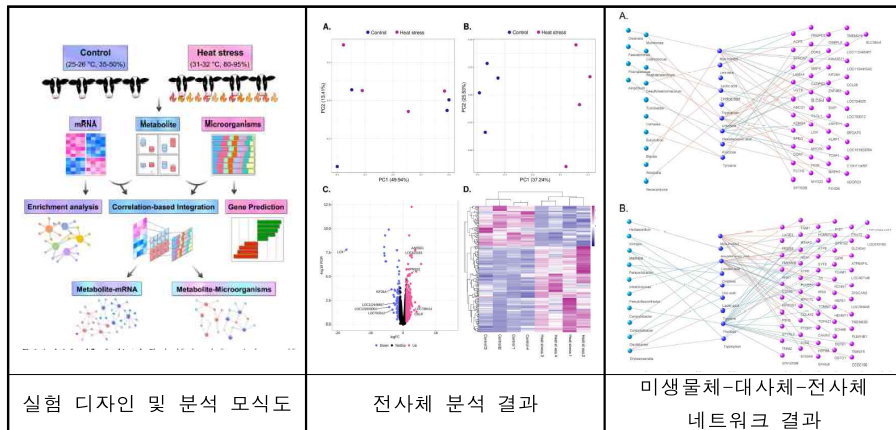
□ 젖소의 더위 지수별 다중 오믹스(전사체, 미생물체, 대사체) 분석

○ 더위 지수별 혈액 및 분변 시료 수집 및 오믹스 정보 생산

- 더위 지수(THI) 평균(21 - 22°C, 50 - 60%)과 고온(31 - 32°C, 80 - 95%)에서 각각 집단별로 혈액과 분변 시료를 수집함.
- 수집한 혈액에서 전사체(RNA-seq), 대사체(Metabolite, GC-TOF-MS) 정보를 생산하였으며, 분변에서 미생물체(16s rRNA) 정보를 생산함

○ 더위 지수별 오믹스 비교 분석 및 기능 해석

- 고온 단계 (온도 31-32°C, 습도80-95%, 가축 더위 지수 85-87)에서 스트레스 요인으로부터 체내 항상성 유지 및 에너지 생산, 항균작용, 면역 및 염증 반응 조절 등과 연관된 154개의 유전자가 상향 조절됨을 확인
- 장내 미생물은 항염증작용을 하는 부티레이트를 생산하는 것으로 알려진 인테스티니모나스 (Intestinimonas) 및 슈도플라보니프랙터 (Pseudoflavonifractor) 등을 포함한 18개가 속 (genus) 수준에서 발견되었으며, 이들은 장내 에너지 생산, 면역 및 염증 반응 등을 조절하는 역할을 할 수 있는 것으로 확인.
- 항산화 특성이 있으며, 체내 에너지원으로 활용될 수 있는 리놀레산, 과당 등 9가지 혈액 대사물질도 감소했으며, 그 수치는 외부 스트레스 요인에 따라 변화하는 것으로 확인



실험 디자인 및 분석 모식도

전사체 분석 결과

미생물체-대사체-전사체 네트워크 결과

□ 논문게재

PLOS ONE

RESEARCH ARTICLE

Inflammatory response in dairy cows caused by heat stress and biological mechanisms for maintaining homeostasis

Hana Kim¹*, Jang-Hoon Jo²*, Hong-Gu Lee², Woncheoul Park³, Hak-Kyo Lee¹, Jong-Eun Park⁴, Donghyun Shin⁵*

1 Department of Animal Biotechnology, Jeonbuk National University, Jeonju, Jeollabuk-do, Republic of Korea, **2** Department of Animal Science and Technology, Sanghuh College of Life Sciences, Konkuk University, Seoul, Republic of Korea, **3** Division of Animal Genomics and Bioinformatics, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Wanju, Jeollabuk-do, Republic of Korea, **4** Department of Animal Biotechnology, College of Applied Life Science, Jeju National University, Jeju, Jeju-do, Republic of Korea, **5** Agricultural Convergence Technology, Jeonbuk National University, Jeonju, Jeollabuk-do, Republic of Korea

* These authors contributed equally to this work.
* shin1214@gmail.com



OPEN ACCESS

Citation: Kim H, Jo J-H, Lee H-G, Park W, Lee H-K, Park J-E et al. (2024) Inflammatory response in dairy cows caused by heat stress and biological mechanisms for maintaining homeostasis. PLOS ONE 19(3): e0300719. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0300719>

Editor: Brenden Mishra, University of Hawaii at Manoa, UNITED STATES

Received: July 22, 2023

Accepted: March 4, 2024

Published: March 25, 2024

Copyright: © 2024 Kim et al. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability Statement: All relevant data are within the manuscript and its [Supporting Information](#) files.

Funding: This study was supported by cooperative research program (PJ01491602), 2021 fellowship program of National Institute of Animal Science (NIAS), and Science and Technology Project Opens the Future of the Region (2022-DD4/P-0333) of INNOPOLIS Foundation. H.K., W.P., H-K.L., J-E.P., and D.S. are the recipients of the NIAS and INNOPOLIS. The funders had no role in study

Abstract

Climate change increases global temperatures, which is lethal to both livestock and humans. Heat stress is known as one of the various livestock stresses, and dairy cows react sensitively to high-temperature stress. We aimed to better understand the effects of heat stress on the health of dairy cows and observing biological changes. Individual cows were divided into normal (21–22 °C, 50–60% humidity) and high temperature (31–32 °C, 80–95% humidity), respectively, for 7-days. We performed metabolomic and transcriptome analyses of the blood and gut microbiomes of feces. In the high-temperature group, nine metabolites including linoleic acid and fructose were downregulated, and 154 upregulated and 72 downregulated DEGs (Differentially Expressed Genes) were identified, and eighteen microbes including *Intestinimonas* and *Pseudoflavonifractor* in genus level were significantly different from normal group. Linoleic acid and fructose have confirmed that associated with various stresses, and functional analysis of DEG and microorganisms showing significant differences confirmed that high-temperature stress is related to the inflammatory response, immune system, cellular energy mechanism, and microbial butyrate production. These biological changes were likely to withstand high-temperature stress. Immune and inflammatory responses are known to be induced by heat stress, which has been identified to maintain homeostasis through modulation at metabolome, transcriptome and microbiome levels. In these findings, heat stress condition can trigger alteration of immune system and cellular energy metabolism, which is shown as reduced metabolites, pathway enrichment and differential microbes. As results of this study did not include direct phenotypic data, we believe that additional validation is required in the future. In conclusion, high-temperature stress contributed to the reduction of metabolites, changes in gene expression patterns and composition of gut microbiota, which are thought to support dairy cows in withstanding high-