

발간등록번호

11-1543000-004666-01

동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축

2024년 6월 18일

주관연구기관 / 서울대학교 산학협력단

농림축산식품부
(전문기관)농림식품기술기획평가원

제출문

제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통 질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축”(개발기간 : 2022. 04. ~ 2023. 12.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

납본일자 2024.06.18.

주관연구기관명 : 김 재 영 (대표자)
공동연구기관명 : (대표자)
위탁연구기관명 : (대표자)



(인)
(인)
(인)

주관연구책임자 : 서울대학교 산학협력단
공동연구책임자 :
참여기관책임자 :

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의 합니다.

최종보고서							보안등급					
							일반[<input checked="" type="checkbox"/>], 보안[<input type="checkbox"/>]					
중앙행정기관명		농림축산식품부		사업명		가축질병대응기술개발사업						
전문기관명 (해당 시 작성)				내역사업명 (해당 시 작성)		국내외 신변종 바이러스 협력체계 구축						
공고번호		농축2022-99호		총괄연구개발 식별번호 (해당 시 작성)								
				연구개발과제번호		122062-2						
기술 분류	국가과학기술표준분류	LB0701	40%	LB0702	40%	LB1006	20%					
	농림식품과학기술분류	RB0202	40%	RB0203	40%	RA0407	20%					
총괄연구개발명 (해당 시 작성)		국문										
		영문										
연구개발과제명		국문		동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축								
		영문		Developing an international cooperative network against the emerging tick-borne viral zoonotic diseases along the East Asian Flyway of migratory birds								
주관연구개발기관		기관명	서울대학교 산학협력단		사업자등록번호	119-82-03684						
		주소	(우08826)서울시 관악구 관악로 1		법인등록번호	114371-0009224						
연구책임자		성명		최창용		직위		조교수				
		연락처	직장전화				휴대전화					
			전자우편				국가연구자번호					
연구개발기간		전체		2022. 04. 08. - 2023. 12. 31. (21개월)								
		단계 (해당 시 작성)	1단계	2022. 04. 08. - 2023. 12. 31. (21개월)								
연구개발비 (단위: 천원)		정부지원	기관부담		그 외 기관 등의 지원금				합계		연구개발비 외 지원금	
		연구개발비	연구개발비		지방자치단체		기타()					
		현금	현금	현물	현금	현물	현금	현물	현금	현물	합계	
총계		977,000							977,000		977,000	
1단계	1년차	419,000							419,000		419,000	
	2년차	558,000							558,000		558,000	
n단계	1년차											
	n년차											
공동연구개발기관 등 (해당 시 작성)		기관명	책임자		직위	휴대전화	전자우편	비고				
								역할 기관유형				
공동연구개발기관												
위탁연구개발기관												
연구개발기관 외 기관												
연구개발담당자 실무담당자		성명						직위				
		연락처	직장전화						휴대전화			
			전자우편						국가연구자번호			

이 최종보고서에 기재된 내용이 사실임을 확인하며, 만약 사실이 아닌 경우 관련 법령 및 규정에 따라 제재처분 등의 불이익도 감수하겠습니다.

2024 년 6 월 18 일

연구책임자: 최창용

주관연구개발기관의 장:
공동연구개발기관의 장:
위탁연구개발기관의 장:

(직인)
(직인)
(직인)

농림축산식품부장관·농림식품기술기획평가원장 귀하

< 요약 문 >

※ 요약문은 5쪽 이내로 작성합니다.

사업명	가축질병대응기술고도화지원사업			총괄연구개발 식별 번호 (해당 시 작성)			
내역사업명 (해당 시 작성)	국내외 신변종 바이러스 협력체계 구축			연구개발과제번호		122062-2	
기술 분 류	국가과학기술 표준분류	LB0701	40%	LB0702	40%	LB1006	20%
	농림식품 과학기술분류	RB0202	40%	RB0203	40%	RA0407	20%
총괄연구개발명 (해당 시 작성)							
연구개발과제명 동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축							
전체 연구개발기간 2022. 04. 08 ~ 2023. 12. 31 (21개월)							
총 연구개발비 총 977,000천원 (정부지원연구개발비: 977,000천원)							
연구개발단계		기초[] 응용[] 개발[<input checked="" type="checkbox"/>] 기타(위 3가지에 해당되지 않는 경우)[]		기술성숙도 (해당 시 기재)		착수시점 기준() 종료시점 목표()	
연구개발과제 유형 (해당 시 작성)							
연구개발과제 특성 (해당 시 작성)							
연구개발 목표 및 내용	최종 목표		<p>본 연구과제는 철새에 기생하여 장거리를 이동할 수 있는 진드기 매개 신종 바이러스성 질병의 동아시아 지역 내 분포 및 전파 가능성을 예찰하고 국내 유입 가능성을 선제적으로 평가하기 위한 기틀을 마련하며 국내 유입에 대비한 사전 예방 대책 수립에 기여하기 위해 1) 동아시아 철새이동경로 상에 위치한 국가들과의 국제협력 네트워크를 구축하고, 2) 동아시아 6개국 7개소 이상의 진드기 예찰 조사구를 통해 연간 300개체 이상의 참진드기를 수집하여 중증열성혈소판증후군(SFTS)과 진드기매개뇌염(TBE) 바이러스를 중심으로 다양한 바이러스주를 확보하며, 3) 워크샵과 심포지엄 등의 지속적인 국가간 교류를 통해 연구 방법론을 표준화하고 인력과 정보를 교환하며 연구자 교육을 통해 신변종 바이러스에 대한 연구 역량과 대응 능력을 키우는 것을 목표로 하였다.</p>				
	전체 내용		<p>최근 감염성 질병의 전 세계적인 확산으로 인해 야생동물과 관련된 인수공통감염병에 대한 관심이 증가하고 있으며, 이 중에서도 동아시아 지역은 야생동물로부터 유입된 인수공통병원체에 의한 신규감염성질병(Emerging Infectious Diseases: EID)의 핵심 지역으로 부상하고 있다. 특히 인수공통전염병 병원체를 보유한 진드기는 철새의 이동경로를 따라 다양한 지리적 위치로 이동할 수 있어 질병전파의 원인으로 제기되고 있다. 따라서 본 과제의 주요 내용은 1) 우리나라를 경유하는 동아시아 철새이동경로상에 있는 국가들의 연구진을 발굴하여 공동조사 네트워크를 결성하고, 2) 조사방법 표준화, 연구진 교육, 워크샵 개최, 공동 조사 등을 통해 지속적인 네트워킹과 체계적, 효율적인 진드기 시료 수집 체계를 구축하고자 하였다. 또한 수집된 진드기 시료를 바탕으로 3) 진드기매개 바이러스성 질병의 전파 및 예찰을 숙주인 철새와의 상호작용, 숙주의 이동전략 등 생태적 측면과 NGS 등을 통한 질병 분석, 병원체 분리 등 병리학, 유전학적 측면에서 나누어 접근하는 학제적 융합연구를 실시하였다.</p>				
	1단계 (해당 시 작성)	목표	<p>1) 국제협력 네트워크 구축 ○ 국제네트워크 구성 협의 (6개국 7개소 목표)</p>				

			○ 네트워크 지속 및 안정화
			2) 동아시아 지역의 질병 매개체 시료 확보 ○ 국내외 동아시아 철새이동경로상 지역에서 시료 수집 ○ 국외 네트워크 지역 시료수집 협의 ○ 국내외에서 효율적인 질병 매개체 진단기 수집 및 질병 예찰을 위한 기술 개발 3) 질병 분석 및 병원체 분리, 확보 ○ NGS를 이용한 병원체 분석 ○ 세포주/분리주 배양을 통한 병원체 분리 및 확보 ○ 항원/항체 키트개발을 위한 자료 구축
	내용		1) 국제협력 네트워크 구축 철새이동연구 국가체계를 보유하고 현지 조사가 가능한 지역과 네트워크 구성을 협의하고, 국외 시료의 도입 또는 현지 공동연구를 협의하였다. 동아시아 철새이동경로 상의 다양한 위치에 있는 국가들은 철새의 연간 이동 일정에 따라 진단기를 수집할 수 있는 시기와 개체수가 각각 다르므로, 향후 지속적으로 정량적, 체계적인 시료 수집이 가능하도록 시료 수집 방법을 표준화하고, 현지 공동조사와 워크숍 개최를 통해 연구진을 교육하였다. 또한 효율적인 정보 공유와 본 연구과제 성과의 대내외적 홍보를 위해 심포지엄을 개최하였다.
			2) 질병 매개체 시료 확보 우리나라는 철새이동경로의 중간에 위치하여 봄, 가을에 철새가 대규모로 통과하는 지역이다. 따라서 철새 이동시기에 가장 많은 개체가 통과하며 국내로 유입되는 소형 철새류를 대표할 수 있도록 서해안 도서지역을 선정하고 봄, 가을 이동시기에 각각 포획조사를 실시하여 철새에 기생하는 진단기와 조사지역 식생에 서식하는 진단기 시료를 확보하였다. 이를 통해 국내 철새 중간기착지역에서 발견되는 진단기의 다양성과 감염율을 평가하였다. 또한 국내 6곳의 야생동물 구조센터들로부터 반입된 조류, 포유류에서 진단기 시료를 수집하여 이동성, 정주성 야생동물에서 발견되는 진단기의 다양성을 평가하였다. 국외 네트워크 연구진으로부터 수집된 시료의 보관 및 국내 반입에 관하여 각국의 현지 사정을 고려하여 협의하였으며, 1차년도에는 번식지에서 국내로 유입되는 고위도 지역의 시료를 수집, 반입하고 2차년도에는 네트워크 전 지역에서 수집되는 시료를 반입하고자 하였다. 또한 복잡하고 설치 장소가 제한적이며, 인력이 많이 소요되는 기존의 포획설비를 개선하여 보다 다양한 장소에서 효율적으로 시료를 확보하기 위해 기존의 포획방법들을 개선한 철새 포획기술 및 진단기 수집기술을 개발하였다.
	n단계 (해당 시 작성)	목표 내용	

연구개발성과	- 본 과제를 통해 동아시아 철새이동경로상의 9개국 10개 기관 연구진과 공동연구 협약을 체결하였음. - 공동조사, 표준화된 진단기 수집 매뉴얼 배포, 워크숍 등을 통해 체계적인 시료
--------	---

	<p>수집이 가능할 수 있도록 표준화하였음.</p> <ul style="list-style-type: none"> - 효율적인 시료 수집을 위해 조류 포획, 진드기 수집 방법 개발에 관한 특허를 2건 출원하였음. - 과제 수행 기간동안 국·내외에서 참진드기 총 22,826마리, 동물 혈액 490개, 동물 사체로부터 비장조직 104개를 확보하였음. - 한국의 가금류에서 SFTS 바이러스에 대한 혈청학 및 분자학적 유병률 조사에 대한 논문 1건과 동아시아 지역 내의 진드기 분포에 대한 논문을 1건, 총 2건을 국제학술지에 발표하였음. - 중국에서 국내로 유입되는 철새(족새 및 hing동새)로부터 채집한 참진드기 2개체에서 SFTS 바이러스를 검출하여, 철새를 통한 바이러스의 국경간 이동을 최초로 확인한 결과로서 현재 논문을 작성 중임. - 국내 고라니로부터 채집한 참진드기에서 랑야바이러스(Langya henipavirus, LayV)가 국내 처음 검출되었음. - 인도네시아 소목장 한 곳에서 채집한 참진드기에서 크리미안-콩고출혈열바이러스(Crimean-Congo hemorrhagic fever; CCHF) 바이러스 유전자가 처음으로 검출되었음.
--	---

연구개발성과 활용계획 및 기대 효과	<p><연구개발 성과></p> <ul style="list-style-type: none"> - 짧은 연구기간으로 인해 연구 성과에 대한 논문들이 현재 작성 중이며, 연구 종료 시점까지 계속 네트워크 국가들로부터 시료가 반입되고 있기 때문에, 향후 이 시료들을 분석하여 추가 논문 2건 이상을 작성 예정 중임. - 또한 시료수집을 위해 특허 출원한 기술개발 2건에 대해 특허 등록을 진행하고 있음. <p><활용계획></p> <ul style="list-style-type: none"> - 본 연구결과를 토대로 향후 보다 적은 인력으로 다양한 지역에서 효율적인 시료를 수집하는데 활용 될 것임. - 본 과제의 수행을 통해 연구진 중 진드기 동정, 질병 분석 및 병원체 분리에 관한 전문인력을 3명 이상 배출되어 전문가로서 활용할 수 있음. - 국내 연구진뿐만 아니라 연구 및 교육 기회가 제한된 아시아 국가의 연구자들에 대한 지원을 통해 아시아 철새이동경로 상의 진드기매개 인수공통감염병 관련 연구 역량을 증가시켰으며, 이를 통하여 아시아 국가 네트워크 구축을 통한 정보 수집 및 국제 공동연구를 통한 기술개발에 활용할 수 있음. <p><기대효과></p> <ul style="list-style-type: none"> - 앞으로도 동아시아 지역 진드기매개질병의 확산과 전파에 관한 장기적 모니터링을 위해 본 과제에서 구축한 국제협력 네트워크를 활용하는 것이 가능하며, 국내 유입 가능성이 있는 인수공통감염병의 예찰 시스템을 확대 구축할 수 있을 것으로 기대됨. - 야생동물-인간 사이의 인수공통감염병의 전파 메커니즘에 대한 광범위한 규모의 연구가 가능하며, 확보한 병원체의 양적, 유전적 다양성을 통해 진단과 치료 및 백신에 관한 선제적 연구에서 유리한 위치를 차지할 수 있을 것으로 기대됨. - 이는 향후 질병 진단 산업의 경제적 이익을 창출하는 데에도 기여할 것으로 생각됨. - 본 연구의 결과물은 인수공통감염병을 동물단계에서 사전 예방하고 관리할 수 있는 시스템을 구축할 수 있게 하여 가축 또는 사람에게 2차 감염되어 발생할 수 있는 경제적, 사회적 피해를 감소시킬 수 있으며, 방역 당국의 질병 감시체계를 개선하여 사회적 비용을 절감하기 위한 기초를 제공할 것으로 기대함.
---------------------	--

연구개발성과의 비공개여부 및 사유													
연구개발성과의 등록·기탁 건수	논문	특허	보고서 원문	연구 시설·장비	기술 요약 정보	소프트웨어	표준	생명자원		화합물	신품종		
	2	2	1					생명 정보	생물 자원		정보	실물	
연구시설·장비 종합정보시스템 등록 현황	구입 기관	연구시설·장비명	규격 (모델명)	수량	구입 연월일	구입가격 (천원)	구입처 (전화)	비고 (설치장소)	ZEUS 등록번호				
국문핵심어 (5개 이내)	진드기 매개질병		인수공통전염병		동아시아 철새이동경로		국제협력		예찰				
영문핵심어 (5개 이내)	tick-borne disease		zoonotic disease		East Asian Flyway		International cooperation		surveillance				

〈 목 차 〉

1. 연구개발과제의 개요.....	1
1) 연구개발의 배경.....	1
2) 연구개발 대상의 국내외 현황.....	4
3) 연구개발과제의 목표 및 내용.....	11
2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행내용.....	13
2-1. 국제협력 네트워크 구축.....	13
1) 국제협력 네트워크 발굴, 구성 협의.....	13
2) 네트워크 확대, 안정화를 위한 인적 교류 및 인력 양성.....	23
2-2. 질병 매개체 시료 확보.....	30
1) 동물 유래 시료 수집을 위한 IACUC 승인.....	32
2) 야생조류 포획허가 취득.....	36
3) 국내 시료 수집을 위한 협력 및 자문 회의.....	38
4) 이동철새 포획을 통한 참진드기 수집.....	40
5) 서식지 참진드기 수집.....	44
6) 국외시료수집.....	47
7) 참진드기 종 동정 및 발육단계별/성별 구분.....	65
8) 효율적인 참진드기 수집을 위한 포획기술 개발.....	70
2-3. 질병 분석 및 병원체 분리, 확보.....	76
1) 질병을 유발하는 참진드기 매개 병원체의 종류와 특성.....	76
2) NGS를 이용한 병원체 분석.....	90
3) PCR을 이용한 병원체 분석.....	92
4) 병원체 분리.....	104
3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도.....	105
3-1. 정성적 연구개발성과.....	105
1) 국내외 진드기매개질병 네트워크 구축.....	105
2) 국제네트워크 지속과 효율적인 시료 수집을 위한 워크숍 및 심포지엄 개최....	109
3) 국내외 참진드기 시료 확보.....	117
4) 혈액 시료 확보 현황.....	143
5) 질병 분석 및 병원체 분리, 확보.....	144
3-2. 정량적 연구개발성과.....	294
3-3. 세부정량적 연구개발성과.....	294
3-4. 목표 달성 수준.....	298
4. 목표 미달 시 원인분석.....	298

5. 연구개발성과 및 관련 분야에 대한 기여 정도.....	299
6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획.....	300
참고 문헌.....	302

동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축

Developing an international cooperative network against the emerging tick-borne viral zoonotic diseases along the East Asian Flyway of migratory birds

1. 연구개발과제의 개요

1) 연구개발의 배경

최근 감염성 질병의 전 세계적인 확산으로 인해 야생동물과 관련된 인수공통질병(zoonotic disease) 또는 벡터매개질병(매개체 질병, vector-borne disease)에 대한 관심이 증가하고 있다. 특히 동아시아 지역은 야생동물로부터 유입된 인수공통병원체(zoonotic pathogen)에 의한 신규감염성질병(emerging infectious disease, EID)의 핵심 지역으로 꼽히고 있으며(Kang et al., 2013; Morens and Fauci 2020, 그림 1), 현재 동아시아 지역의 EID 확산에 대한 여러 원인 중 대해 철새 이동에 의한 전파 가능성이 제기되고 있다. 철새는 대규모의 생태적 장벽과 국경을 통과하기 때문에 각종 외래종과 외래질병의 유입에 대한 매개체 또는 보균자가 될 수 있기 때문이다(Kinsey et al., 2000; Pietzsch et al., 2008).

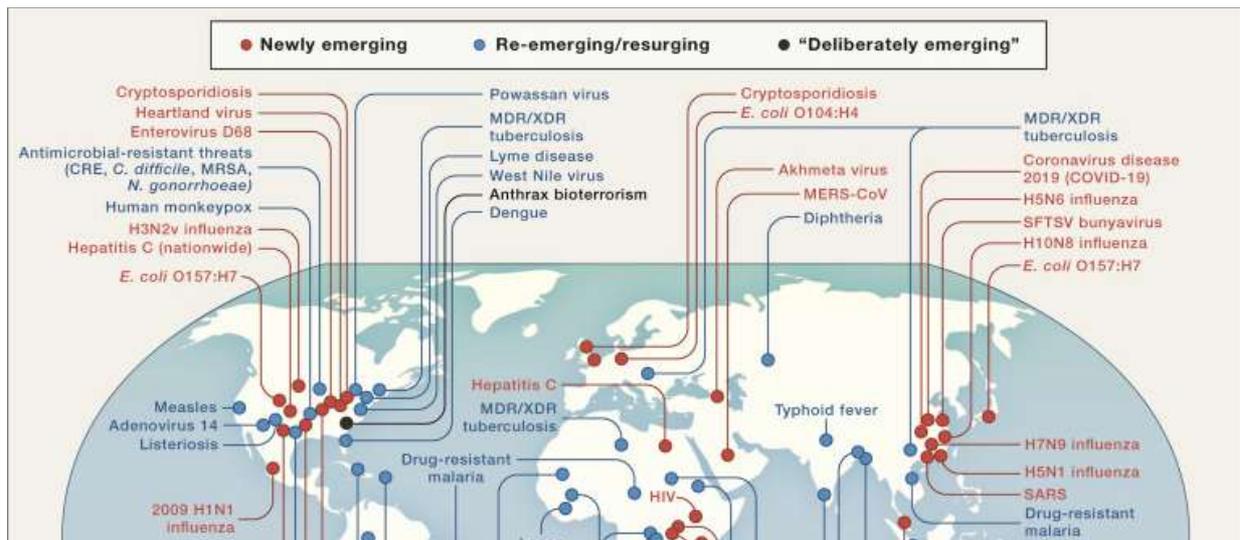


그림 1. 신규감염성질병(붉은색 점)의 핵심 지역으로 부상하고 있는 동아시아(Morens and Fauci, 2020).

우리나라는 동아시아-대양주 철새이동경로(East Asian Australasian Flyway, EAAF)의 중앙

에 위치하고 있으며, 특히 철새 중에서도 참진드기 매개가 가능한 산새류의 이동경로는 동아시아 철새이동경로(East Asian Flyway, EAF)로 한정되는데(Yong et al., 2015, 그림 2), 우리나라는 이들이 번식지(러시아, 몽골, 중국 북부 등)와 월동지(중국 남부, 일본, 동남아시아)를 오가며 잠시 체류하는 주요 중간기착지 역할을 하고 있다(Nam et al., 2011; Choi et al., 2014). 우리나라의 야생조류 질병 현황에 대한 정보는 주로 조류인플루엔자(Avian Influenza, AI)에 집중되어 있으나, 기후변화에 따른 철새의 이동양상 변동은 새로운 질병의 유입을 초래할 수 있을 것으로 우려되는 상황이다(Lindgren et al., 2000, CDC 2019). 우리나라 역시 철새로부터 국내 미기록 참진드기가 발견된 사례가 있으며(Kim et al., 2009; Choi et al., 2014), 현지에 분포하지 않는 참진드기가 철새의 사체에서 발견된 것이 확인(Choi et al., 2022)되면서 철새에 의한 새로운 흡혈성 매개체의 유입은 이들이 매개하는 새로운 질병의 유입 가능성을 강하게 제시하였다.

특히 흡혈성 기생충인 참진드기는 인수공통병원체를 보유할 수 있고, 철새의 이동경로를 따라 다양한 지리적 위치로 이동할 수 있어 질병 전파의 매개체가 될 가능성이 있다. 전 세계적으로 진드기 매개질병(tick-borne diseases, TBD)으로 주목받고 있는 인수공통감염병으로는 중증열성혈소판감소증후군(severe Fever with thrombocytopenia syndrom, SFTS), 아나플라즈마증(anaplasmosis), 라임병(Lyme disease), 바베시아증(babesiosis), 큐열(Q-fever) 등이 있다. 일례로 라임병 등을 예방하기 위해 주요 매개체인 Ixodidae 참진드기의 출현과 철새 이동에 대해 전 세계에서 모니터링하고 있다(Miyamoto et al., 1993; Ishiguro et al., 2000; Kinsey et al., 2000; Morshed et al., 2005; Waldenstrom et al., 2007).

그러나 진드기매개질병의 국가간 전파 원인으로 철새의 역할에 대한 상반된 논쟁이 존재하며, 아직까지 이에 대해 명확히 검증된 바가 없다. 특히 2011년 이후 동아시아 철새이동경로 중앙에 위치한 3개국(한, 중, 일)을 비롯하여 최근 파키스탄, 베트남, 대만, 태국, 미얀마에서도 보고되는 등 빠르게 확산하고 있는 바이러스성 인수공통감염병인 SFTS는 한, 중, 일의 지리적 위치와 각 SFTS 바이러스 간의 높은 유사성(Yoshikawa et al., 2015)을 고려하여 SFTS

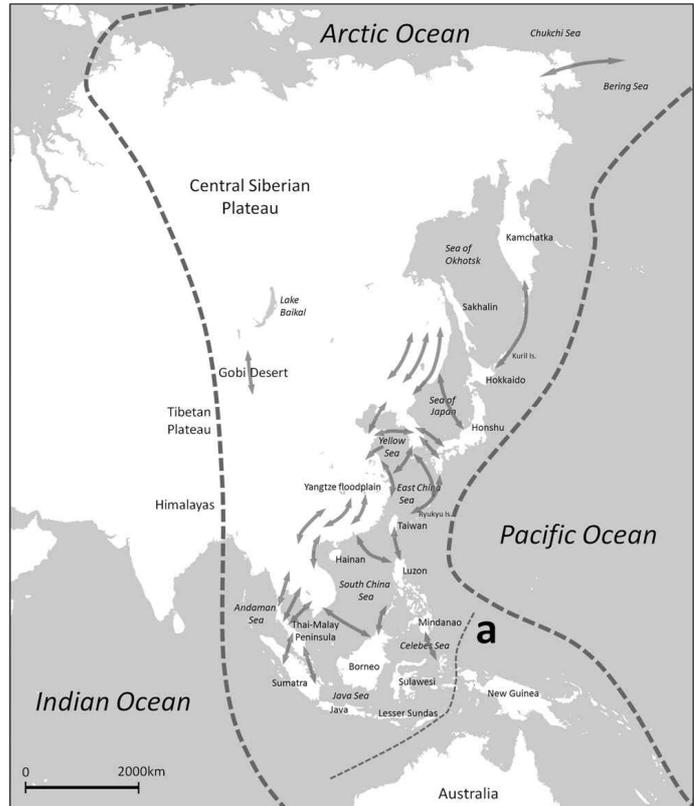


그림 2. 산새류의 주요 이동 범위인 동아시아 철새이동경로(EAF). 점선은 동아시아-대양주 철새이동경로(EAAF)이며, 이 중 (a)는 EAF의 한계선임(Yong et al., 2015).

에 감염된 철새 또는 철새에 기생한 참진드기가 SFTS의 장거리 전파에 핵심적인 역할을 할 것으로 지목되기도 했다(Yun et al., 2015, 그림 3). 하지만 SFTS의 주요 매개체인 작은소피 참진드기는 포유류에 기생하는 참진드기로서 조류에 기생하는 경우는 매우 드물며(Choi et al., 2014), 이외에도 철새의 일반적인 이주 방향(종축: 번식지-월동지)과 SFTS의 확산방향(횡축: 한-중-일)의 불일치, 철새의 이동 범위 대비 질병 확산의 국지적 분포, 숙주와 매개체간의 질병생태학적인 정보 부족(Du et al., 2014; Deng et al., 2022) 등은 철새가 국가간 SFTS 전파에 핵심적인 역할을 한다는 것을 검증할 수 없으며, 오히려 철새 이동에 의한 SFTS의 장거리 전파 확률이 매우 낮을 가능성을 시사한다(Choi et al., 2015). 따라서 질병 전파의 경로와 원인을 검증하기 위해서는 잠재적 매개체와 병원체를 파악하고, 출현율과 유행률 및 새로운 매개체의 환경 적응 등에 대한 다학제적인 연구가 필요하였다.

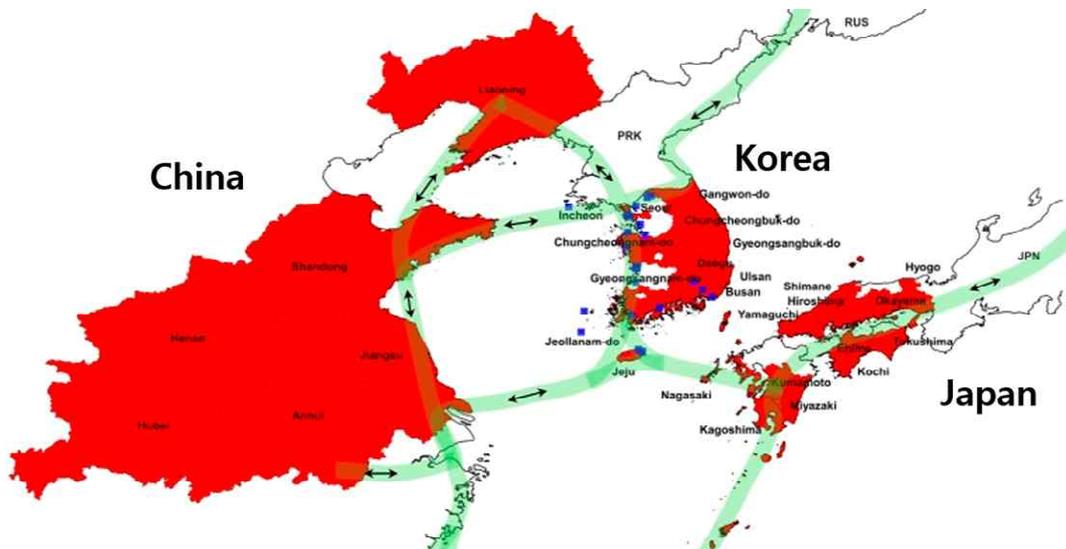


그림 3. 한, 중, 일 SFTS 감염지역(붉은색)과 철새의 예상 이동 경로(초록색)(Yun et al., 2015).

현재 동아시아 철새이동경로(EAF)는 철새 이동에 대한 조사연구 네트워크 및 질병생태학적 연구가 가장 부족한 이동경로(flyway)이다. 철새 이동에 의한 질병 유입을 검증하고 사전에 대응하기 위해서는 한 국가만의 관리가 아닌 국가간 협력을 통한 감시 모니터링이 필수적이며, 다양한 지리적 위치에서의 철새이동 모니터링과 시료 수집, 병원체 확보가 안정적으로 지속되기 위해서는 각국의 연구자간의 협력과 네트워크 구축이 필수적이다. 그러나 동아시아 철새이동경로상의 신규감염성질병의 발생과 확산에도 불구하고 동아시아 국가간에 통일된 철새 이동 조사체계가 아직 없어 동아시아 철새의 이동이나 연구 네트워크가 매우 부족하며, 공동 시료 확보 및 연구활동 또한 미비한 실정이다. 예를 들어 SFTS의 경우 국내를 비롯하여 동아시아-동남아 일대에서 발병하고 일부 집단의 사망률이 30%(Silvas and Aguilar, 2017)에 이르는 높은 치사율을 가짐에도 불구하고 효과적인 치료법과 백신이 없으며(Yoshikawa, 2021), 철새에 의한 장거리 질병 전파에 사전 대응할 수 있는 조사연구나 이를 위한 네트워크가 매우 부족한

실정이다(Oh et al., 2016). 특히, 산새류는 참진드기 매개가 가능하며, 이들의 모니터링은 ‘Bird banding’ 방식으로 직접 포획해서 조사하기 때문에 이동정보 외에도 새의 혈액/조직 및 매개체 등의 시료 수집이 용이하다. 따라서 공동의 협력과 통합적인 산새류 이동조사체계 (banding schemes)를 통해 산새류 이동의 광범위한 시공간적 자료와 질병생태학적 연구 성과를 얻을 수 있다. 북미나 유럽의 경우 국가간 합의된 banding scheme을 바탕으로 산새류의 이동 모니터링과 다양한 연구 목적의 네트워크가 활성화 되어있다(Nam et al., 2017). 따라서 다양한 지리적 위치의 서식지에서 일원화된 조사가 진행되고 있으며, 조사자료의 공유를 통해 해당 철새이동경로 상의 산새류 이동과 질병 생태학적 연구에 많은 성과를 얻고 있다(Olsén et al., 1995; Elfving et al., 2010; Hoffman et al., 2018; Wiljelmsson et al., 2020; Sormunen et al., 2022). 따라서 본 연구는 동아시아 철새이동경로 상의 국가간 철새와 흡혈성 매개체, 바이러스성 질병 연구 및 시료 수집 목적의 네트워크를 구축하고, 이를 통해 다양한 지리적 위치로부터 안정적으로 시료를 확보하여 주요 바이러스성 참진드기 매개질병의 다양한 바이러스 주를 확보하고자 하였다.



그림 4. 그물로 포획된 철새에 가락지를 부착하고, 식별 정보를 기록하는 이동성 산새류 조사(왼쪽), 포획된 산새류(노랑턱멧새)에 기생하는 참진드기 시료 채집(오른쪽).

2) 연구개발 대상의 국내외 현황

(1) 동아시아의 진드기매개바이러스성 인수공통감염병의 연구 현황

참진드기 매개로 인해 전파될 수 있는 바이러스성 진드기매개감염병은 크게 중증열성혈소판 감소증후군(SFTS), 진드기매개뇌염(tick-borne encephalitis, TBE), 크림미안콩고출혈열(Crimean-Congo haemorrhagic fever, CCHF) 등을 예상할 수 있다. 이 중 국내에서 환자가 발생하고 있는 SFTS 외에도, 아직 국내에 환자가 보고되지 않은 TBE 및 CCHF를 매개할 수 있는 참진드기가 철새를 통해 국내에 유입될 가능성을 배제할 수 없다. 특히 우리나라는 CCHF 발생국을 통과하는 중앙아시아 철새이동경로(Central Asian Flyway)와 달리 TBE 발생국(극동러시아)과 동아시아철새이동경로(EAF)로 직접 연결되어 있어, 향후 새로운 타입의 TBE

유입 가능성이 높을 것으로 판단된다.

가. 중증열성혈소판감소증후군(severe fever with thrombocytopenia syndrome, SFTS)

중증열성혈소판감소증후군은 *Bunyvirales* 목 *Phenuiviridae* 과 *Bandavirus* 속에 속하는 세 개의 분절을 포함한 음성가닥(negative-strand) RNA 바이러스인 *Bandavirus dabieense* 종이 원인체로서 국내에서는 3급 법정감염병으로 지정되어 있으며 현재 전국적으로 환자가 발생하고 있다. 특이적인 임상증상으로는 혈소판감소증, 백혈구감소증을 동반한 경증의 열성 질환부터 출혈열, 뇌염, 다발성 장기부전을 보이고 사망에까지 이를 수 있다(Li et al., 2022). 2013년 5월에 국내에서 첫 환자가 보고된 이후 발생 증가 추세를 나타내며 2023년까지 11년간 총 1,895명의 환자가 발생하였으며, 사망자는 2022년까지 317명이 사망, 18.7%의 높은 치사율을 기록했다(질병관리청 감염병누리집, 2022). SFTS 바이러스는 2009년에 중국에서 처음 환자로부터 분리되어 2011년도에 공식 보고되었으며, 2013년 한국과 일본의 사람 환자에서 감염된 사실이 각각 처음 보고되었다(Kim et al., 2013; Takahashi et al., 2014; Yu et al., 2011). 2019년에는 베트남, 2020년에 대만에서 사람 및 동물에서 SFTS 바이러스 감염이 확인되었으며, 최근 파키스탄, 태국, 미얀마에서도 보고되는 감염병이다(Tran et al., 2019; Peng et al., 2020; Zohaib et al., 2020; Rattanakomol et al., 2022). 작은소피참진드기(*Haemaphysalis longicornis*), 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*), 뭉뚝참진드기(*Amblyomma testudinarium*), 일본참진드기(*Ixodes nipponensis*) 등의 참진드기가 SFTS의 주된 매개체로 보고되었다(Jung et al., 2019; Luo et al., 2015; Suh et al., 2016). 특히 작은소피참진드기를 매개하는 SFTS 바이러스의 전파에 있어 철새의 역할에 대한 연구가 진행되고 있다(Yun et al., 2015). SFTS의 발생시기는 주로 3~11월이며, 겨울을 제외하고 지속적으로 환자가 발생하고 있다. SFTS 바이러스에 감염된 사람 환자의 체액이나 혈액과 직접 접촉하거나 에어로졸에 의해 의료진 또는 가족으로 2차 전파 사례가 확인되었으나, 현재까지 상용화된 백신이나 특이적인 치료제는 존재하지 않는다(Hu et al., 2022; Jung et al., 2019; Moon et al., 2019).



그림 5. 중증열성혈소판감소증후군(SFTS) 연도별 환자 발생국 현황도.

나. 진드기매개뇌염(Tick-borne encephalitis, TBE)

진드기매개뇌염은 플라비바이러스(Flaviviridae) 과 플라비바이러스(Flavivirus) 속에 속하는 세 개의 분절을 포함한 양성가닥(positive-strand) RNA 바이러스가 원인체인 인수공통감염병으로 사람에게 감염시 신경학적 증상을 일으키는 발열성 질병이다(Lindenbach and Charles, 2001). 진드기매개뇌염 바이러스는 참진드기(Ixodes 속) 및 피참진드기(Haemaphysalis 속) 등이 매개하는 것으로 알려져 있으며, 유럽형(TBEV-Eur)은 주로 Ixodes ricinus, 시베리아형(TBEV-Sib)과 극동형(TBEV-FE)은 산림참진드기(I. persulcatus)에서 바이러스가 확인된다(Jääskeläinen et al., 2011). 유럽에서는 연간 수천 명의 환자가 발생하여 점차 그 수가 증가하고 있으며, 참진드기의 활동이 활발해지는 4~11월 사이에 크게 증가하는 경향을 보이지만 특이치료제가 없어 대증치료를 적용한다(Van Heuverswyn et al., 2023). 예방접종은 오스트리아, 독일, 러시아에서 생산된 백신(FSME-Immun®, Encepur®, EnceVir®, Moscow®)이 사용되며, TBE 발생국가의 고위험 집단을 대상으로 해당국에서 접종 가능하다(Amicizia et al., 2013). 국내에서 분리된 TBE 바이러스는 유럽에서 발병되고 있는 Western subtype으로, 주변국에서 발생되고 있는 아형과 달라 이에 대한 연구가 필요하다(Kim et al., 2008). 최근 국내에서도 작은소피참진드기(Haemaphysalis longicornis), 개피참진드기(H. flava), 일본참진드기(Ixodes nipponensis)와 야생 설치류에서 TBEV가 확인된 바 있으나 사람 및 반려동물에서 임상증상을 보이는 환자의 발생 보고는 아직까지 없다(Kim et al., 2009). 그러나 2015년부터 2018년까지 제주도의 농업 종사자를 대상으로 진행한 혈청학적 진단검사 결과, 313개의 혈청 시료 중 6개(1.9%)에서 항체 양성 결과를 확인한 바 있다(Yoo et al., 2020). 따라서 국내의 참진드기 접촉 기회가 많은 직업군에서도 진드기매개 뇌염의 발병 가능성이 높으므로 예의주시할 필요가 있다.

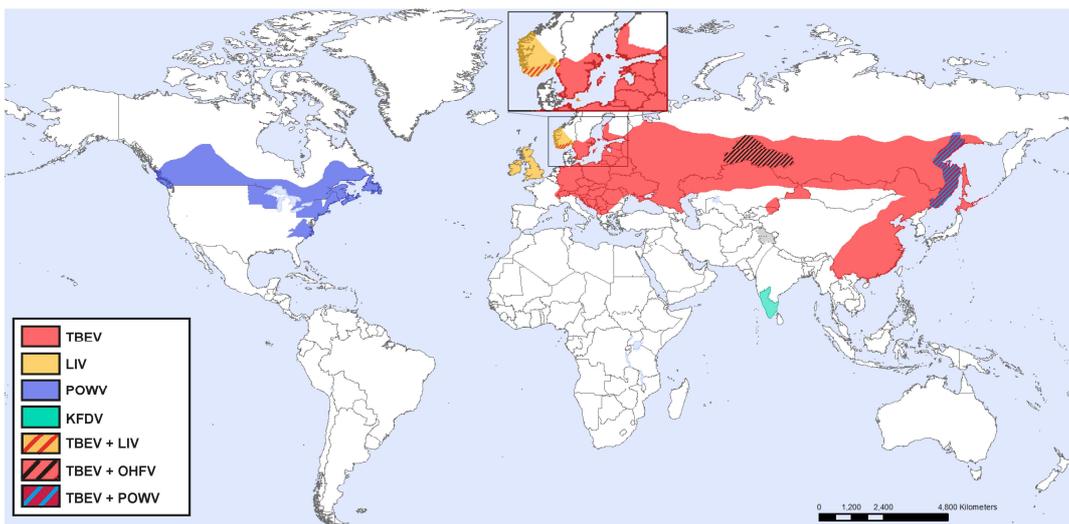


그림 6. 진드기매개 Flaviviruses(TBFV)의 분포 현황(Lindqvist et al., 2018).

다. 크리미안콩고출혈열(Crimean-Congo haemorrhagic fever, CCHF)

크리미안콩고출혈열은 *Bunyvirales* 목 *Nairoviridae* 과의 나이로바이러스(*Orthonairovirus*) 속에 속하며 3개의 분절을 포함한 음성 가닥(negative-stranded) RNA 바이러스에 의해 발병하는 CCHF는 아시아 지역에서는 중국과 파키스탄, 인도 등에서 보고되었다(Begum et al., 1970; Bente et al., 2013; Hoogstraal 1979). 국내에는 1급 법정감염병으로 지정되어 있으나 아직까지 환자의 발생 보고는 없다. 중국의 경우 1965년 중앙아시아에 인접한 신장 서북부 지역에서 최초로 발생하였고, 1966년 환자와 참진드기에서 최초로 바이러스가 분리되었으며 가축의 혈청에서도 항체가 검출되었다(Sun et al., 2009; Feng et al., 2004). 사람에게 감염시 고열, 두통, 오심부터 점상출혈, 결막 출혈, 객혈, 흑변 등의 임상증상이 동반되고, 중증의 경우 다발성 장기부전, 파종성혈관내응고의 증상을 보이며 사망한다(Hoogstraal 1979; Appannanavar and Mishra, 2011). 중국 내 1965년부터 1994년까지 보고된 260건의 인체 감염사례에서 치사율은 21%로 보고되었다(Papa et al., 2002). CCHF 바이러스에 감염된 참진드기에 물리거나 감염된 동물의 혈액, 조직 접촉, 또는 진드기-동물-진드기 순환으로 인해 소, 양, 염소, 토끼 등 다양한 동물을 감염시킬 수 있다(Spengler et al., 2016). 35종 이상의 진드기에서 CCHF 바이러스의 유전자가 검출되어 이 질병을 매개하는 것으로 보고되었으며, 주요 인체 감염 매개 진드기는 *Hyalomma* 속 참진드기로 알려져 있다(Nasirian 2022; Belobo et al., 2021). 특히 본 질병을 매개할 수 있는 것으로 보고된 참진드기 1종(뿔참진드기, *Rhipicephalus sanguineus*)이 국내 서식하는 것으로 보고되었다(Choe et al., 2011). CCHF 환자에 특이적인 백신이나 치료제는 없으나, 감염 환자에 항바이러스제인 리바비린을 적용시 사망률이 1.7배 감소하는 것을 확인한 메타분석 결과가 보고된 바 있다(Arab-Bafrani et al., 2019).

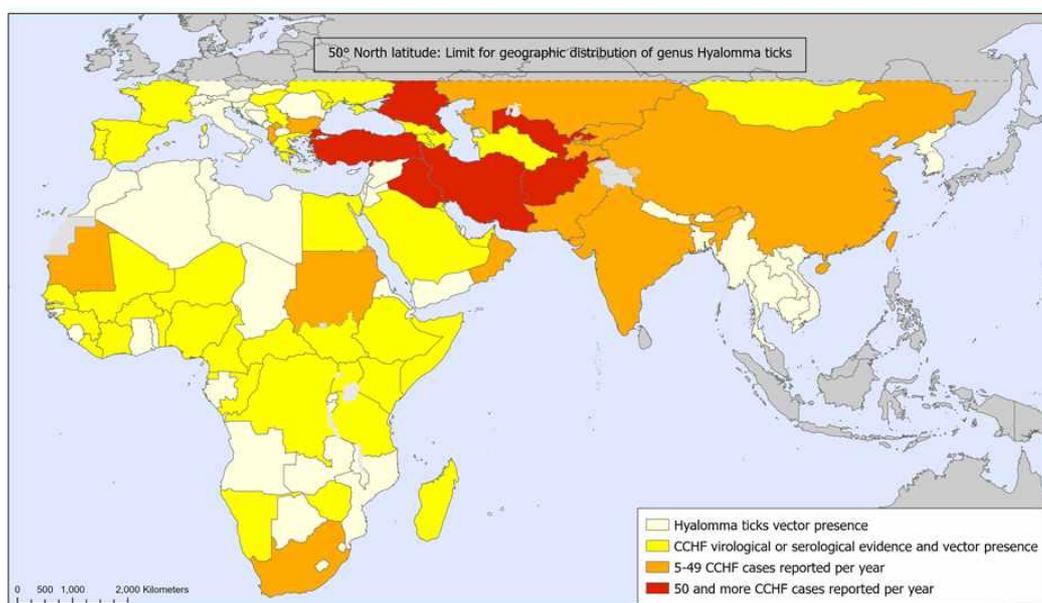


그림 7. 크리미안콩고출혈열 바이러스 검출 현황 및 환자 발생 현황(WHO, 2022).

(2) 동아시아 철새 이동과 매개체 및 병원체 관련 연구

가. 국내 철새의 참진드기 출현 현황 및 유병률 연구

우리나라는 철새를 상시 포획하여 가락지를 부착하는 조사가 본격적으로 진행된 역사가 매우 짧으며, 초기 연구는 가장 먼저 상시 가락지부착조사가 시작된 전라남도 흥도와 흑산도를 통과하는 산새를 대상으로 진행되었다. 전남 흥도에서 지빠귀류와 멧새류를 비롯한 산새류 12종으로부터 참진드기를 채집한 결과, *Ixodes tridus*가 66.2%로 우점종으로 나타났으며, 그 외에 *Ixodes nipponensis*, *Haemaphysalis flava* 등이 보고되었다(Kim et al., 2009). 이후 연구에서 철새 21종에서 참진드기 212개체를 채집하고 조사한 결과, *Ixodes turdus*(146개체), *Haemaphysalis flava*(40개체), *I. nipponensis*(13개체), *H. longicornis*(12개체), *I. ornithophila*(1개체) 순으로 우점하였다(Kang et al., 2013). 국내 선행 연구에 따르면 철새의 참진드기 감염률은 최소 1.4%(Kim et al., 2009)부터 최대 8-16%(Choi et al., 2014, Kim et al., 2016)까지 다양하게 나타났다.

역시 국내 주요 중간기착지 중 하나인 제주도에서는 총 75종 934개체의 철새에서 참진드기를 수집하였으며, *Haemaphysalis flava*, *H. formosensis*, *H. longicornis*, *H. concinna*, *Ixodes turdus* 및 *I. nipponensis*의 6종을 확인하였다. 우점종은 *H. flava*(72.2%)와 *I. turdus*(17.3%)이었으며 주로 바닥을 돌아다니며 먹이를 찾는 지빠귀류에서 확인되었다. 특히 *H. longicornis*는 제주도에서 우점종인 참진드기이지만, 철새에서 수집된 것은 전체 진드기의 3.8%에 불과하였다(Choi et al., 2014).

일본 동부의 산새류에서 채집한 참진드기의 79.0%가 *Ixodes turdus* 로 가장 출현율이 높았으며(Yamauchi & Mori 2004), 이는 국내의 조사 결과(Kang et al., 2013)와 비슷한 결과이다. 일본 중부의 철새 진드기 조사(1995-1997)에서 가장 많이 채집된 진드기는 *Haemaphysalis flava*(94.4%)였으며(Ishiguro et al., 2000), 흥도에서도 6종의 철새에서 유충(larva) 1개체와 약충(nymph) 20개체가 확인되었다(Kim et al., 2009). 이 외에 전남 흥도에서 호랑지빠귀에서 국내 미기록 참진드기(*Haemaphysalis ornithophila*)가 보고되었으며(Kim et al., 2009), 제주도에서 철새로부터 수집한 참진드기 중 국내 미기록 종인 *H. formosensis* 및 제주도 미기록종인 *H. concinna*를 보고하였다(Choi et al., 2014).

나. 철새 참진드기에서의 병원체 검출

철새에서 수집한 참진드기의 병리학적 연구 역시 상시 가락지부착조사를 실시한 지역 위주로 실시되었다. 전남 흥도에서 지빠귀류와 멧새류에서 수집한 *Ixodes* 속 참진드기로부터 *Anaplasma*, *Borrelia*, *Bartonella* 병원체가 검출되었다(Kang et al., 2013). 또한 국내에서 이동 중인 40개체의 지빠귀류에서 아나플라즈마증을 조사한 결과 *Anaplasma phagocytophilum*에 감염된 개체가 봄에만 확인되고 가을철에는 확인되지 않았으며(Oh et al., 2014), 이는 TBD가 봄철에 북상 이동하는 철새에 의해 저위도에서 고위도로 전파되는 방향성이 있음을 보

여준다.

그동안 TBD에 대해 수행된 대다수의 연구가 병원체의 신규 검출과 증례, 유병률, 병원성, 계통학적 또는 역학적인 연구에 속하며, 국내에서 숙주와 매개체의 생태적 특징을 감안한 질병생태학적인 연구는 사실상 없는 실정이다. 특히 장거리 전파의 의혹을 받는 철새의 경우 국가간 이동 중인 개체의 병원체 감염 여부를 파악하기 위한 연구도 전무하다(Choi et al., 2015; Yoshikawa et al., 2015).

국외 연구에서는 철새가 라임병의 원인균인 *Borrelia burgdorferi*의 장거리 확산에 중요한 역할을 하나(Miyamoto et al., 1993; Smith et al., 1996; Humair 2002), 병원체 전파에 대한 철새의 역할은 아직 검증된 바 없다(Ogden et al., 2008; Paulauskas et al., 2009; Hildebrandt et al., 2010; Palomar et al., 2012). 중국 내에서는 SFTS 주요 위험지역은 인체감염사례와 환경 요인(일조시간, 습도, 온도 등)에 기반하여 추정된 바가 있으나(Liu et al., 2015), 현재 질병 전파와 관련된 철새 이동의 역할과 기작을 규명할 수 있는 생태학적 정보가 부족하기 때문에 막연히 EAAF를 따라 질병이 확산될 것이라는 추정과 그에 따른 예측에는 한계가 있다. 본 연구 전까지 철새의 혈액이나 조직, 또는 철새 참진드기에서 SFTS를 포함한 진드기 매개 바이러스가 검출된 바는 없으며, 따라서 철새에 의한 신규 바이러스성 질병의 장거리 확산에 대한 명백한 증거는 이전까지 확인되지 않은 상태였다.

다. 아시아 지역의 부족한 철새 이동연구 네트워크

북미(North American Bird Banding Program), 유럽(EURING)과 아프리카(AFRING)의 경우 철새가락지 부착체계(banding scheme)를 통한 대륙별 조사 체계를 통해 안정적으로 시료를 확보해 왔다. 또한 이들 국가들은 무선주파수를 이용한 자동화 추적네트워크(Motus system)를 운영하고 있는 등 철새의 무선 추적 네트워크가 적용되고 있으며, 인공위성(Argos 위성 또는 ICARUS 기반) 또는 GPS 추적 장치를 이용하여 철새 개체의 이동 연구가 활발하게 진행되고 있다. 따라서 철새의 이동 패턴에 따른 진드기의 이동양상에 대해 많은 연구가 이루어져 왔다(Olsén et al., 1995; Elfving et al., 2010; Hoffman et al., 2018; Wiljelmsson et al., 2020; Sormunen et al., 2022).

그러나 우리나라가 포함된 동아시아 철새이동경로지역은 아직 통일된 철새모니터링 체계가 수립되어 있지 않은 실정이다. 우리나라는 미군에 의해 실시된 이동성 동물(철새)의 병리학적 조사 네트워크(Migratory Animal Pathological Survey, MAPS; 1964-1972) 이후 200년대 중반에 들어서 국립생물자원관에서 가락지부착체계를 수립하고 철새 연구를 진행하고 있으며, 일본은 1924년 농상무성의 주도로 최초의 가락지부착조사를 시작하고 1961년부터 민간 조류연구 단체인 야마시나조류연구소에서 일본 전역의 가락지부착조사를 관장하고 있는 등 각 국가별로 독자적인 체계를 운영하고 있다. 그러나 국가별 철새이동연구체계가 수립된 한, 중, 일을 제외한 비 OECD 국가들은 연구인력과 역량, 교육기회의 부족으로 인해 정보 공백이 발생하며, 이는 참진드기와 진드기 매개 질병의 기후변화 및 철새에 의한 장거리 확산 및 예측을 어렵게 하는 요소로 작용하고 있다. 철새의 이동연구체계 및 표준화된 지침, 정보공유 네트워크

미비로 인해 동아시아 및 동남아시아에서 참진드기를 매개할 수 있는 철새의 연구가 절대적으로 부족하며, 따라서 진드기 매개 질병의 장거리 전파를 해석할 수 있는 철새의 지리적 연결성과 이동의 기원에 대한 정보 부족하다. 특히 철새에 의한 참진드기와 진드기 매개 질병 전파 현황, 예측 및 대응의 필수적인 요소인 철새의 번식지와 월동지의 분포, 지역별 참진드기와 진드기 매개 질병의 유병률, 시공간적인 철새의 지리적 이주 연결성, 시공간적인 철새의 이동 전략 등에 대한 정보가 미비한 실정이다.

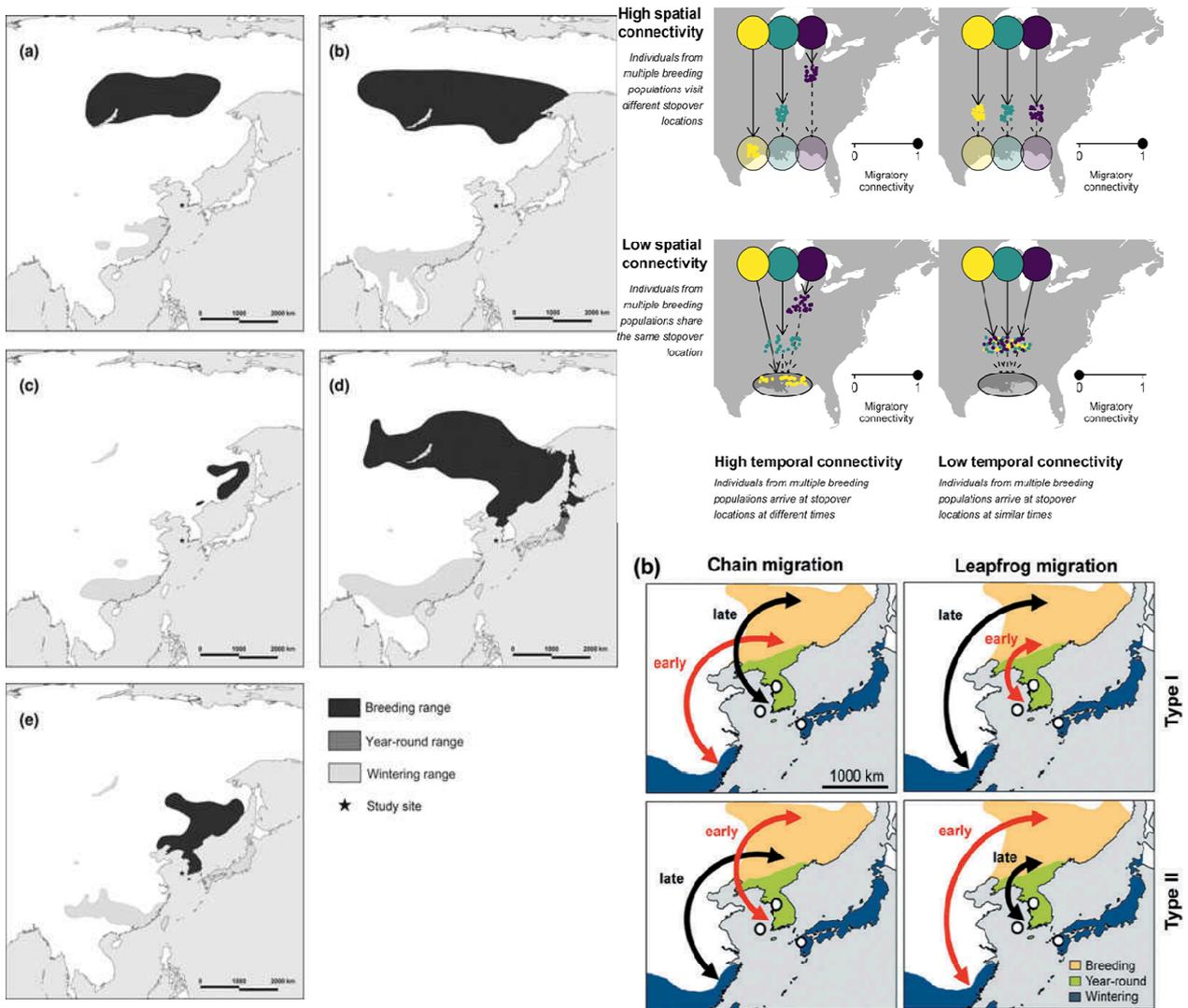


그림 8. 참진드기를 흔히 매개하는 소형 멧새류 5종의 번식지(검은색) 및 월동지(열은 회색)의 다양한 지리적 분포. (a)노랑눈썹멧새, (b)꼬까참새, (c)흰배멧새, (d)족새, (e)노랑턱멧새(Nam et al., 2011, 왼쪽), 철새의 번식지와 월동지 사이의 시공간적 (위) 지리적 이주 연결성(migratory connectivity)과 (아래) 이동 전략(migration strategy)의 여러 가지 사례(Choi et al., 2019, 오른쪽).

3) 연구개발과제의 목표 및 내용

(1) 국제협력 네트워크 구축

철새이동연구 국가체계를 보유하고 현지 조사가 가능한 지역과 네트워크 구성을 협의하고 국외 시료의 도입 또는 현지 공동연구를 협의한다. 동아시아 철새이동경로상의 다양한 위치에 있는 국가들은 철새의 연간 이동 일정에 따라 참진드기를 수집할 수 있는 시기와 개체수가 각각 다르므로, 향후 지속적으로 정량적, 체계적인 시료 수집이 가능하도록 시료 수집 방법을 표준화하고, 현지 공동조사와 워크숍 개최를 통해 연구진을 교육한다. 또한 효율적인 정보 공유와 본 연구과제 성과의 대내외적 홍보를 위해 심포지엄을 개최하고자 하였다.

(2) 질병 매개체 시료 확보

우리나라는 철새이동경로의 중간에 위치하여 봄, 가을에 철새가 대규모로 통과하는 지역이다. 따라서 철새 이동시기에 가장 많은 개체가 통과하며 국내로 유입되는 소형 철새류를 대표할 수 있도록 서해안 도서지역을 선정하고 봄, 가을 이동시기에 각각 포획조사를 실시하여 철새에 기생하는 참진드기와 조사지역 식생에 서식하는 참진드기 시료를 확보하였다. 이를 통해 국내 철새 중간기착지역에서 발견되는 참진드기의 다양성과 감염율을 평가하였다. 또한 국내 6곳의 야생동물 구조센터들로부터 반입된 조류, 포유류에서 참진드기 시료를 수집하여 이동성, 정주성 야생동물에서 발견되는 참진드기의 다양성을 평가하였다. 국외 네트워크 연구진으로부터 수집된 시료의 보관 및 국내 반입에 관하여 각국의 현지 사정을 고려하여 협의하며, 1차년도에는 번식지에서 국내로 유입되는 고위도 지역의 시료를 수집, 반입하고 2차년도에는 네트워크 전 지역에서 수집되는 시료를 반입하고자 하였다.

또한 복잡하고 설치 장소가 제한적이며 인력이 많이 소요되는 기존의 포획설비를 개선하여 보다 다양한 장소에서 효율적으로 시료를 확보하기 위해 기존의 포획방법들을 개선한 철새 포획기술 및 참진드기 수집기술을 개발하고자 하였다.

(3) 질병 분석 및 병원체 분리, 확보

동아시아 철새이동경로상의 광범위한 지역에서 수집된 참진드기로부터 병원체를 분석하기 위해 대량의 병렬 데이터 생산을 통해 유전자의 염기서열을 고속으로 분석하는 기술인 차세대 염기서열분석법(next-generation sequencing, NGS)과 기존의 정밀진단기술인 역전사중합효소연쇄반응(reverse transcription polymerase chain reaction, RT-PCR)을 적용하였다. 검출된 병원체에 대해서 세포주를 배양하고 분리주를 확보하며, 이에 대한 항원 및 항체 검사(PCR, IFA 또는 ELISA)를 실시한다. 특히 이번 분석에서는 국내에 보고된 SFTSV 및 동아시아 철새이동경로를 따라 유입가능성이 높은 TBEV를 포함하여 국내에서 아직 밝혀지지 않은 진드기 매개 바이러스성 병원체 검출을 목표로 유전자 분석을 실시하였다. 그 외 비바이러스성 진드기 매개 병원체인 바베시아, 보렐리아, 아나플라즈마, 에를리키아, 타일레리아, 바르토넬라 등의

분석을 함께 실시하여 검출률을 분석하였다. 그 결과 다양한 국가와 지리적 기원, 숙주, 서식 환경에서 수집된 참진드기로부터 진드기매개질병을 유발하는 다양한 병원체에 대한 항원 및 항체 키트 개발을 위한 자료를 구축하고자 하였다.

동아시아 철새이동경로(EAAF)상의 국가 간 철새와 흡혈성 매개체, 바이러스성 질병 연구 및 시료 수집 목적의 네트워크를 구축하고 이를 통해 다양한 지리적 위치로부터 안정적인 시료를 확보하여 주요 바이러스성 진드기 매개질병의 다양한 바이러스주를 확보하고, 확인된 병원체와 철새의 전파 위협에 대한 선제적인 연구를 바탕으로 동아시아 신규감염성질병의 사전 대응 능력 향상에 기여하고자 하였다. 국제적인 네트워크 구성을 통해 동아시아의 광범위한 지역에 대한 모니터링이 가능하며, 국내 유입 가능성이 있는 인수공통감염병의 예찰 시스템을 확대 구축할 수 있다. 야생동물-인간 사이의 인수공통전염병 전파 메커니즘에 대한 광범위한 규모의 연구가 가능하며, 확보 병원체의 양적, 유전적 다양성을 통해 진단, 치료 및 백신에 관한 선제적 연구에서 유리한 위치를 차지할 수 있으며, 향후 질병 진단 산업의 경제적 이익을 창출하는 데에도 기여할 것으로 기대한다. 마지막으로 본 연구의 결과물은 인수공통감염병을 동물단계에서 사전 예방하고 관리할 수 있는 시스템을 구축할 수 있게 하여 사람에게 2차 감염되어 발생할 수 있는 경제적, 사회적 피해를 감소시킬 수 있으며, 방역 당국의 질병 감시체계를 개선하여 사회적 비용을 절감하기 위한 기초를 제공할 수 있다.

2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행 내용

본 과제는 최초 구상한 연구개발계획에 따라 철새이동경로에 따른 진드기매개질병의 예찰을 위한 국내·외 협력 체계 구축, 참진드기를 비롯한 야생동물의 혈액, 비장 시료 수집, 철새이동 경로 분석 및 NGS와 PCR을 이용한 병원체 분석, 그리고 철새이동경로에 따른 진드기매개질병의 예측 순으로 진행하였다(그림 9).

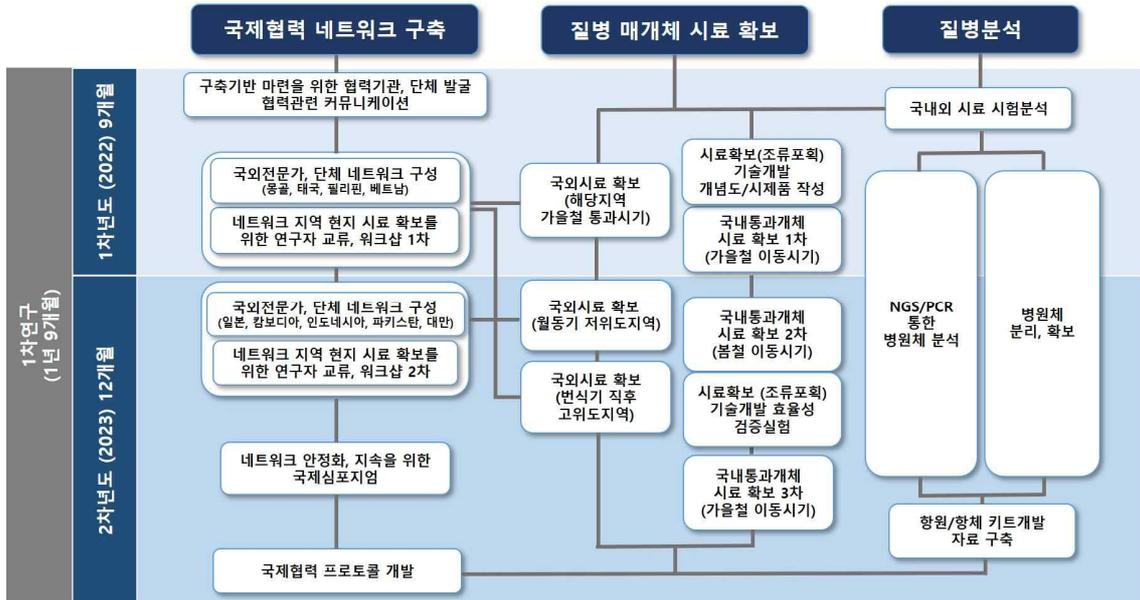


그림 9. 연차별 연구개발 추진 체계와 흐름도.

2-1. 국제협력 네트워크 구축

1) 국제협력 네트워크 발굴, 구성 협의

본 과제기간 동안 총 9개국 10개 연구기관과 공동연구협정을 체결하고 공동조사, 시료 반입, 공동 논문 작성 등을 논의하였다(그림 10, 표 1).



그림 10. 해외 시료 확보를 위한 연구협력 체결 국가(청색: 철새 유래 시료, 적색: 식생, 가축 및 야생동물 유래 시료).

표 1. 국제공동연구협정 체결국가

국가	날짜	기관
태국	2022.08.08.	Veterinary Science, Chulalongkorn University
몽골	2022.08.16.	Wildlife Science and Conservation Center of Mongolia (WSCC)
홍콩	2022.11.22.	Hong Kong Birdwatching Society (HKBWS)
필리핀	2022.12.07.	College of Veterinary Medicine, University of the Philippines Los Baños
베트남 (하노이)	2022.12.15.	Faculty of Veterinary Medicine, Vietnam National University of Agriculture
일본	2022.12.31.	Biological Sciences, Tokai University
인도네시아	2023.02.21.	Veterinary Medicine, Universitas Gadjah Mada
파키스탄	2023.03.13.	Veterinary Science, University of Veterinary and Animal Sciences
대만	2023.04.28.	Veterinary School, National Taiwan University
베트남 (호치민)	2023.06.07.	Animal Science and Veterinary Medicine, Nong Lam University

(1) 태국

2022년 8월 태국 방콕에 위치한 쭈랄롱꼰대학교 수의과대학(Faculty of Veterinary Science,

Chulalongkorn University)을 방문하여 병리학부 수의기생충학연구실의 Moika 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기 매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 태국의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 11. 서울대학교 수의내과학교실과 태국 쭈랄롱꼰대학교 수의학부 기생충학연구실의 진드기매개질병 연구 협약 체결.

(2) 몽골

2022년 8월 몽골 울란바타르에 위치한 Wildlife Science and Conservation Center of Mongolia(WSCC)를 방문하여 기관장인 Nyam-Ochir 과 국제협력협의를각서를 체결하였다. WSCC는 야생동물보전, 연구를 수행하는 몽골 내 최대 규모의 NGO로 2004년에 설립되어 다양한 연구팀을 보유하고 있으며, 철새이동연구와 관련하여 울란바타르에 위치한 연구실 및 각지에 3개의 현지 스테이션을 운영 중이다. 현지 스테이션 중 우리나라가 속한 철새이동경로에 포함되는 Khurkh Bird Ringing Station(현지 코디네이터: Ms. Tuulbaatar)에서 공동조사 및 시료 수집을 협의하였다. 협의내용은 다음과 같다.

- WSCC측에 현장조사비(한화 750만원) 및 시료수집 관련 소모품 제공
- 몽골 현지조사기간(8-10월, 4-6월)동안 포획조류 및 포유류, 야생동물 서식지에서 참진드기 수집 및 서울대로 송부
- 공동현지조사 1회(몽골)

- 참진드기 수집, 동정관련 워크샵 2회 참여(한국)
- WSCC측의 조류 진드기 유병률 정보 제공 및 제공한 시료에 대한 SNU측의 연구 결과 공유



그림 12. 울란바타르 WSCC 본부에서 기념촬영.

(3) 홍콩

2022년 11월 Hong Kong Bird Watching Society(HKBWS)의 기관장인 Ye 씨가 한국에 방문하여 국제협력합의각서를 체결하였다. HKBWS는 1957년 설립된 홍콩 최대 조류연구, 보전활동 NGO로 현재 홍콩 전체의 가락지부착조사 체계를 관리하고 있으며, 철새이동조사팀(현지코디네이터: Ms. An)이 연중 현지 조사를 실시하고 있다. 공동연구에 관한 합의 내용은 다음과 같다.

- HKBWS측에 현장조사비(한화 750만원) 및 시료수집 관련 소모품 제공
- 홍콩 현지조사기간(11월-5월)동안 포획조류 및 포유류, 야생동물 서식지에서 참진드기 수집 및 서울대로 송부
- 공동현지조사 1회(홍콩)
- 진드기 수집, 동정관련 워크샵 2회 참여(한국)
- HKBWS측의 조류 진드기 유병률 정보 제공 및 제공한 시료에 대한 SNU측의 연구 결과 공유



그림 13. 홍콩 HKBWS 본부에서 방문 기념촬영.

(4) 필리핀

2022년 12월 필리핀 로스바뇨스에 위치한 필리핀 로스바뇨스 대학교 수의과대학(University of the Philippines Los Baños, College of Veterinary Medicine)을 방문하여 비임상과학부의 Re 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 필리핀의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 14. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과 필리핀 로스바뇨스대학교 수의과대학 비임상과학부의 진드기매개질병 연구 협약 체결.

(5) 베트남(하노이)

2022년 12월 베트남 하노이에 위치한 베트남 국립농업대학교 수의과대학(Vietnam National University of Agriculture, Faculty of Veterinary Medicine)을 방문하여 기생충학부 Bu 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 베트남의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 15. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과 베트남 국립농업대학교 수의과대학 기생충학부의 진드기매개질병 연구 협약 체결.

(6) 일본

2022년 12월 일본 토카이 대학교 생물학부 학장인 Hi 교수와 서면으로 국제협력합의각서를 체결하였다. 삿포로에 위치한 토카이대학 생물학부는 일본삼림총합연구소 홋카이도 연구소와 함께 현지 국유림(히츠지가오카숲)에서 30년 이상 철새이동 장기생태연구를 수행하고 있으며, 토카이 대학교 생물학부의 Sh 교수가 국제협력 책임을, 일본삼림총합연구소 홋카이도연구소의 전임 원장인 No 박사가 현지조사 및 조사 허가 책임을, Hin 씨가 시료 수집을 실시하였다. 공동연구에 관한 합의 내용은 다음과 같다.

- 토카이대측에 현장조사비(한화 750만원) 및 시료수집 관련 소모품 제공
- 일본 현지조사기간(4월-6월, 8-10월)동안 포획조류 및 포유류, 야생동물 서식지에서 참진드기 수집 및 서울대로 송부
- 공동현지조사 1회(일본)
- 국제심포지엄 1회 참여(한국)
- 참진드기 수집, 동정관련 워크샵 1회 참여(한국)
- 토카이대측의 조류 진드기 유행률 정보 제공 및 제공한 시료에 대한 SNU측의 연구 결과 공유

(7) 인도네시아

2023년 2월 인도네시아 족자카르타에 위치한 가자마다대학교 수의과대학(Universitas Gadjah Mada, Faculty of Veterinary Medicine)을 방문하여 수의과대학의 학장인 Teguh Buiptojo 및 기생충학부의 Ana Sahara 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대

한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 인도네시아의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 16. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과 베트남 국립농업대학교 수의과대학 기생충학부의 진드기매개질병 연구 협약 체결.

(8) 파키스탄

2023년 3월 파키스탄 라호르에 위치한 파키스탄 라호르 수의과대학교 수의학부(University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore-Pakistan, Department of Veterinary Medicine)을 방문하여 부총장인 Na 및 수의학부 Mu 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 파키스탄의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 17. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과 파키스탄 라호르 수의과대학교 수의학부의 진드기매개질병 연구 협약 체결.

(9) 대만

2023년 4월 대만 타이페이의 국립대만대학교 수의과대학(National Taiwan University, School of Veterinary Medicine)을 방문하여 수의임상학부의 Sh 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하고 진드기매개질병에 관련된 현지 공동조사를 실시하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 대만의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공



그림 18. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과 대만 국립대만대학교 수의과대학 수의임상학부의
진드기매개질병 연구 협약 체결.

(10) 베트남(호치민)

2023년 6월 베트남 농람대학교 수의과대학(Nong Lam University, Faculty of Animal Science and Veterinary Medicine)의 감염병 및 수의공중보건학부 Hi 교수와 국제연구협력 합의각서(Cooperative agreement)를 체결하였다. 연구협력에 대한 상세내용은 다음과 같다.

- 학술정보의 교류
- 연구, 교육 및 그 외 협력 활동에 대한 교수진의 교류
- 학회, 심포지엄, 워크숍, 세미나의 참석을 위한 교수진의 교류
- 진드기 및 진드기매개질병을 포함한 상호 관심 주제에 대한 공동 연구사업 구축: 특히 베트남의 지역 환경 및 동물로부터 참진드기 또는 혈액의 수집 및 제공

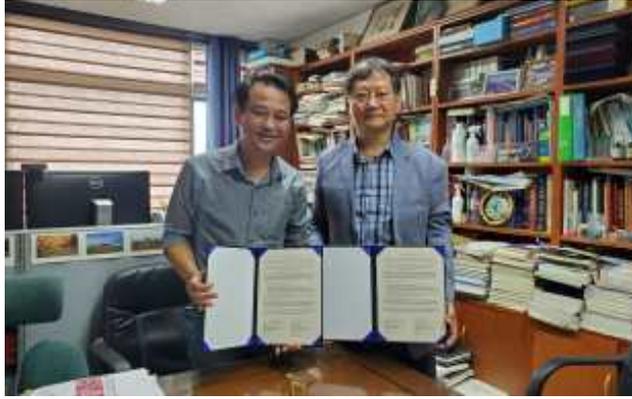


그림 19. 서울대학교 수의과대학 수의내과학교실과
대만 국립대만대학교 수의과대학 수의임상학부의
진드기매개질병 연구 협약 체결.

2) 네트워크 확대, 안정화를 위한 인적 교류 및 인력 양성

과제 기간동안 국제협력 워크숍 2회를 개최하여 지속적인 연구 교류를 위한 조사 체계 통일, 연구자 트레이닝을 실시하였고, 국제 심포지엄을 1회 개최하여 각 연구팀별 연구 현황 및 조사 성과들을 발표하고 최신의 정보를 교류하였다.

(1) 제1차 국제협력워크숍 개최

- 가. 개최명: 동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 워크숍
- 나. 일시 및 장소: 2022년 11월 3일 ~ 7일 (5일)
서울대학교 호암교수회관(11월 3일)
국립공원연구원 태안 몽산포 가락지부착조사스테이션(11월 4-7일)
- 다. 참석인원: 40명(서울대학교 강연), 29명(태안 현장조사 및 회의)
- 라. 국제협력워크숍 행사진행 프로그램

일차	장소	일정
1일차(11월 2일)	인천공항	국외초청인사 입국
2일차(11월 3일)	서울대	워크숍 및 강연
3일차(11월 4일)	서울대▶태안	태안 이동, 현장실습 및 교육
4일차(11월 5일)	태안	현장실습 및 교육, 워크숍
5일차(11월 6일)	태안	현장실습 및 교육, 워크숍
6일차(11월 7일)	태안▶인천	현장실습 및 교육, 서울 이동
7일차(11월 8일)	인천공항	국외초청인사 출국

몽골, 홍콩, 태국, 일본 등 관련 업무협약 체결 및 논의중인 국가의 연구진을 초청하여 국가별 철새이동연구 현황 및 소형산새류 이동연구체계를 소개하고, 관계분야 종사자 및 학생, 일반인 참여한 가운데 진드기매개 바이러스성 질병의 최신 연구내용 및 동아시아 철새류 이동 연구 동향에 대해 7개의 주제로 전문가 강연을 실시하였다.

또한 국립공원연구원 태안해안 몽산포 스테이션에서 서울대, 국립생물자원관, 국립공원연구원, 네트워크협약(및 예정) 국가 연구원 합동으로 조류포획조사를 통한 진드기 수집, 야외 서식지에서의 진드기 수집 조사를 실시하고 철새이동조사 중 진드기 수집, 조사, 기록 관련 세미나를 개최하였다.



그림 20. 철새포획조사 및 참진드기 수집(국립공원연구원 태안 몽산포 스테이션). 설치한 새그물에 포획된 조류(왼쪽 위), 일정 시간 간격으로 포획된 철새 수거(오른쪽 위), 가락지 부착 및 참진드기 수집(왼쪽 아래), 포획된 철새에서 흡혈하는 참진드기(오른쪽 아래).

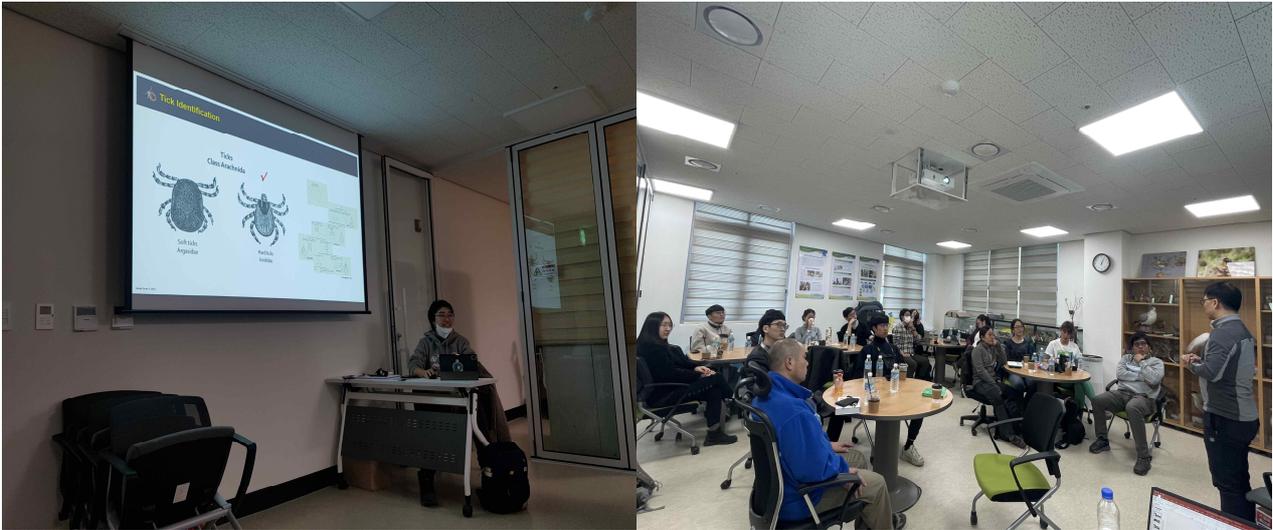


그림 21. 참진드기 수집, 기록관련 세미나(국립공원 태안해안체험학습관).



그림 22. 철새 서식지에서 참진드기 수집 실습(국립공원연구원 태안 몽산포 스테이션).



그림 23. 야외조사 후 기념촬영 (국립공원연구원 태안 몽산포 스테이션).

(2) 국제심포지엄 개최

가. 개최명: 철새이동경로상에서 신규 진드기매개감염병의 전파

(Transmission of the emerging tick-borne diseases along the migratory flyway)

나. 일시 및 장소: 2023년 6월 6 ~ 10일

서울대학교 수의과대학 투어(6월 7일)

전북대학교 국립인수공통전염병 연구소 방문(6월 8일)

조류포획 및 외부기생충 수집 실습

(태화산 서울대학교 실습림, 6월 9일)

서울대학교 호암교수회관(6월 9일)

다. 참석인원: 180명(서울대학교 강연)

라. 국제심포지엄 행사진행 프로그램

일차	장소	일정
1일차(6월 6일)	인천공항 ▶ 서울대	국외초청인사 입국, 숙소 이동
2일차(6월 7일)	서울대학교	오전: 수의과대학 방문, 학장 접견 오후: 캠퍼스 투어
3일차(6월 8일)	전북대학교	오전: 국립인수공통전염병 연구소 방문, 학장 접견 오후: 연구소 내 미팅
4일차(6월 9일)	서울대학교	종일: 국제심포지엄
5일차(6월 10일)	서울대 ▶ 인천공항	국외초청인사 출국

국내외 철새이동/인수공통질병 관련 수의학계 전문가 및 국내 관련기관 전문가 180여명이 참석하여 동아시아 지역의 진드기 및 진드기매개감염병에 대한 최신 연구정보 교환하고 철새 이동경로상에 위치한 국가들과의 진드기매개감염병 연구 네트워크 구축, 지속을 위한 심포지엄을 개최하였다.

(3) 제2차 국제협력워크숍 개최

가. 개최명: 동아시아 철새이동경로상의 신규진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력워크숍 (Workshop for developing a network against emerging infectious diseases along the East Asian Migratory Flyway)

나. 일시 및 장소: 2023년 10월 28일 ~ 11월 3일 (7일)

국립생물자원관 국가철새연구센터 (10월 29 ~ 30일)

인천 옹진군 대청도 서울대학교 현장조사지 (10월 30일 ~ 11월 1일)

인천 영종도 철새도래지 (11월 2일)

다. 참석인원: 19명(국내 14명, 국외 5명)

라. 국제워크숍 행사진행 프로그램

일차	장소	일정
1일차(10월 28일)	인천공항 ▶ 송도	국외초청인사 입국, 숙소 이동
2일차(10월 29일)	인천항 ▶ 소청도	오전: 소청도 입도 오후: 현장조사, 강연
3일차(10월 30일)	소청도 ▶ 대청도	오전: 현장조사 오후: 대청도 입도
4일차(10월 31일)	대청도	종일: 현장조사
5일차(11월 1일)	대청도 ▶ 인천항	종일: 현장조사 오후: 대청도 출도
6일차(11월 2일)	인천	종일: 철새도래지 모니터링
7일차(11월 3일)	인천공항	국외초청인사 출국

몽골, 홍콩, 일본 등 관련 공동연구 협약을 체결한 국가의 연구진을 초청하여 국가별 철새 이동연구 현황 및 소형산새류 이동연구체계를 소개하고, 당해 진드기 수집 현황 및 향후 연구 방향을 토의하였다.

국내 소형산새류 이동조사를 실시하는 주요 기관(국립생물자원관, 국립공원연구원, 서울대학교)의 연구진이 참석하여 인천 옹진군 소청도에 위치한 국립생물자원관 현지 조사지에서 산림성 조류 포획 및 참진드기 수집을, 대청도에 위치한 서울대학교 현지 조사지에서 습지성 조류 포획 및 참진드기 수집 조사를 실시하였다. 또한 인천 옹진군 영종도 일대 철새도래지에서 가을철 도래하는 철새의 종과 개체수를 모니터링하였다.



그림 24. 국가철새연구센터 현장조사지에서의 공동조사 (왼쪽), 국가철새연구센터 가락지부착조사실에서 포획작업 (오른쪽).



그림 25. 서울대학교 현장조사지에서의 공동조사(위 왼쪽), 습지 옆 베이스캠프에서의 포획작업(위 오른쪽), 조류 포획 및 참진드기 수집 토의(아래 왼쪽), 행사 기념촬영(아래 오른쪽).



그림 26. 가을철 철새 도래현황 모니터링(위), 조사지 철새도래현황 장기모니터링에 대한 현황 소개(인천 저어새생태학습관, 아래).

2-2. 질병 매개체 시료 확보

과제 진행 과정 및 결과 보고간 언급되는 참진드기, 동물의 학명과 일반명은 다음과 같이 목록화하였다(표 5-6).

표 5. 보고서에 언급된 동물의 분류 및 학명과 일반명(영문, 국명) 목록

분류	학명	일반명	
		영문	국명
	<i>Accipiter gentilis</i>	Northern Goshawk	참매
	<i>Accipiter nisus</i>	Eurasian Sparrowhawk	새매
	<i>Acrocephalus aedon</i>	Thick-billed Warbler	큰부리개개비
	<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	Black-browed Reed Warbler	쇠개개비
	<i>Aegypius monachus</i>	Cinereous Vulture	독수리
	<i>Anthus hodgsoni</i>	Olive-backed Pipit	항동새
	<i>Bubo bubo</i>	Eurasian Eagle-Owl	수리부엉이
	<i>Cyanoderma ruficeps</i>	Rufous-capped Babbler	-
	<i>Dendrocopos major</i>	Great Spotted Woodpecker	오색딱따구리
	<i>Egretta garzetta</i>	Little Egret	쇠백로
	<i>Emberiza chrysophrys</i>	Yellow-browed Bunting	노랑눈썹멧새
	<i>Emberiza pallasi</i>	Pallas's Reed Bunting	북방검은머리썩새
	<i>Emberiza pusilla</i>	Little Bunting	쇠붉은뺨멧새
	<i>Emberiza rutila</i>	Chestnut Bunting	꼬까참새
	<i>Emberiza spodocephala</i>	Black-faced Bunting	축새
	<i>Emberiza tristrami</i>	Tristram's Bunting	흰배멧새
	<i>Emberiza variabilis</i>	Grey Bunting	검은멧새
	<i>Ficedula parva</i>	Red-breasted Flycatcher	흰꼬리딱새
Birds (조류)	<i>Gallus gallus domesticus</i>	Chicken	닭
	<i>Horornis diphone</i>	Japanese Bush Warbler	섬취파람새
	<i>Locustella certhiola</i>	Pallas's Grasshopper Warbler	북방개개비
	<i>Locustella tacsanowskia</i>	Chinese Bush Warbler	-
	<i>Luscinia cyane</i>	Siberian Blue Robin	쇠유리새
	<i>Motacilla tschutschensis</i>	Eastern Yellow Wagtail	긴발톱할미새
	<i>Ninox scutulata</i>	Brown Boobook	솔부엉이
	<i>Parus minor</i>	Great Tit	박새
	<i>Phasianus colchicus</i>	Ring-necked Pheasant	꿩
	<i>Phoenicurus aureus</i>	Daurian Redstart	딱새
	<i>Phylloscopus fuscatus</i>	Dusky Warbler	솔새사촌
	<i>Phylloscopus inornatus</i>	Yellow-browed Warbler	노랑눈썹솔새
	<i>Phylloscopus proregulus</i>	Pallas's Leaf Warbler	노랑허리솔새
	<i>Tarsiger cyanurus</i>	Red-flanked Bluetail	유리딱새
	<i>Troglodytes troglodytes</i>	Eurasian Wren	굴뚝새
	<i>Turdus cardis</i>	Japanese Thrush	검은지빠귀
	<i>Turdus eunomus</i>	Dusky Thrush	개똥지빠귀
	<i>Turdus hortulorum</i>	Gray-backed Thrush	되지빠귀
	<i>Turdus pallidus</i>	Pale Thrush	흰배지빠귀
	<i>Zoothera aurea</i>	White's Thrush	호랑지빠귀

	<i>Bos taurus</i>	Cattle	소
	<i>Bubalus bubalis</i>	Buffalo	물소
	<i>Canis lupus familiaris</i>	Dog	개
	<i>Capra aegagrus hircus</i>	Goat	염소
	<i>Capreolus pygargus</i>	Asian roe deer	노루
Mammal (포유류)	<i>Hydropotes inermis</i>	Korean water deer	고라니
	<i>Leporidae</i>	Rabbit	토끼
	<i>Meles leucurus</i>	Asian badger	오소리
	<i>Naemorhedus caudatus</i>	Long-tailed goral	산양
	<i>Nyctereutes procyonoides</i>	Raccoon dog	너구리
	<i>Ovis aries</i>	Sheep	면양
	<i>Pholidota</i>	Pangolin	천산갑
Reptile (파충류)	<i>Coelognathus radiatus</i>	Radiated ratsnake	방사성취뱀
	<i>Malayopython reticulatus</i>	Reticulated python	그물무늬비단뱀
	<i>Varanus salvator</i>	Asian water monitor	물왕도마뱀

표 6. 보고서에 언급된 참진드기의 학명과 국명 목록

학명	국명
<i>Amblyomma gervaisi</i>	-
<i>Amblyomma helvolum</i>	-
<i>amblyomma javanense</i>	-
<i>Amblyomma testudinarium</i>	몽뚝참진드기
<i>Amblyomma varanense</i>	-
<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	가시들피참진드기
<i>Haemaphysalis concinna</i>	매부리영에피참진드기
<i>Haemaphysalis flava</i>	개피참진드기
<i>Haemaphysalis formosensis</i>	제주피참진드기
<i>Haemaphysalis hystrix</i>	고산피참진드기
<i>Haemaphysalis longicornis</i>	작은소피참진드기
<i>Haemaphysalis megaspinosa</i>	-
<i>Haemaphysalis wellingtoni</i>	-
<i>Hyalomma anatolicum</i>	-
<i>Ixodes granulatus</i>	남방참진드기
<i>Ixodes nipponensis</i>	일본참진드기
<i>Ixodes ovatus</i>	사슴참진드기
<i>Ixodes pavlovskyi</i>	-
<i>Ixodes persulcatus</i>	산림참진드기
<i>Ixodes scapularis</i>	등빨간긴가슴앞벌레 진드기
<i>Ixodes turdus</i>	고슴도치참진드기
<i>Rhipicephalus microplus</i>	꼬리소참진드기
<i>Rhipicephalus pilans</i>	-
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	개참진드기(뿔참진드기)

1) 동물 유래 시료 수집을 위한 IACUC 승인

연구 동물의 윤리적, 과학적 사용을 위해, 서울대학교 동물실험윤리위원회(Institutional Animal Care and Use Committee, IACUC)로부터 살아있는 동물 또는 폐사체로부터 참진드기, 혈액 및 비장 채취에 대한 동물실험계획서 검토 및 승인 완료하였다(그림 27-28).



그림 27. 서울대학교 동물실험윤리위원회 승인(왼쪽: 승인번호 SNU-220708-4, 오른쪽: 승인번호 SNU-220708-4-1).

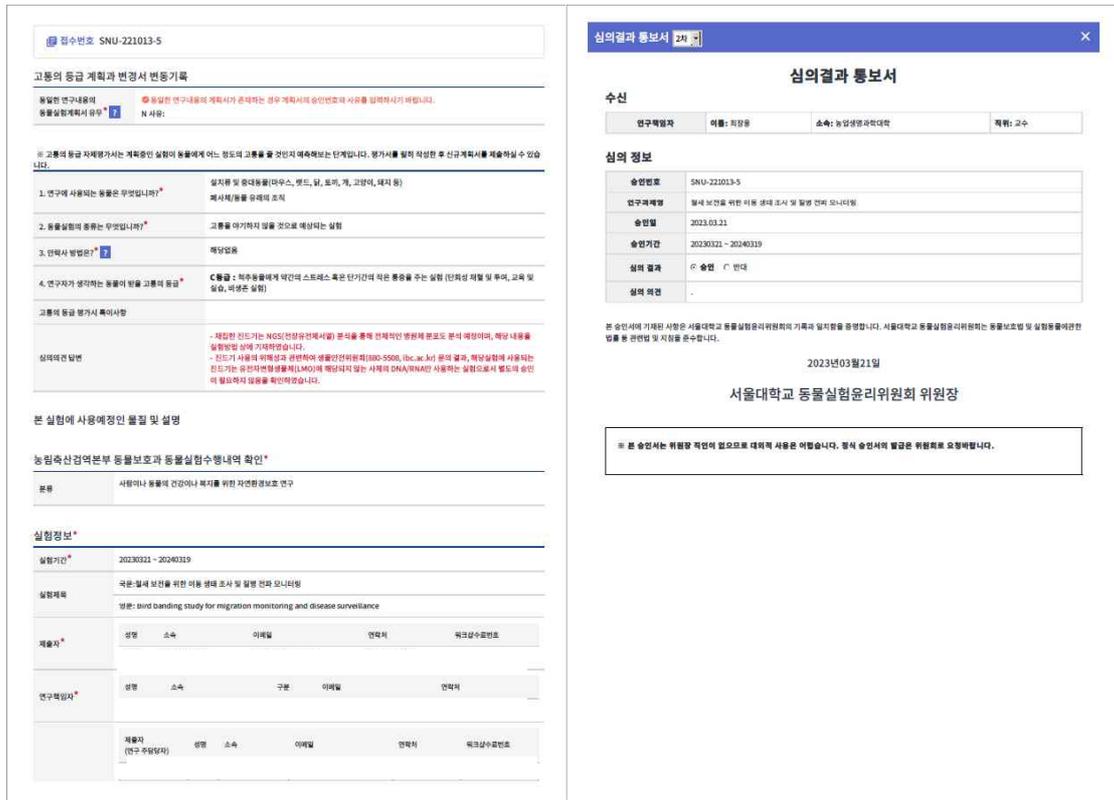


그림 28. 서울대학교 동물실험윤리위원회 승인(2023-24년 승인번호: SNU- 221013-5).

또한 국외 시료의 수집을 위해서 각국의 연구윤리 기준에 따라 필요한 경우, 각 협력 연구기관의 책임자 주관으로 동물실험윤리위원회의 연구 승인을 획득하였다(그림 29-31).



Chulalongkorn University Animal Care and Use Committee

Certificate of Project Approval		<input checked="" type="checkbox"/> Original	<input type="checkbox"/> Renew
Animal Use Protocol			
2031098			
Protocol Title			
The study of diversity of vector-borne parasites and their vectors in cattle, Thailand			
Principal Investigator			
Assoc.Prof.Dr.Mo			
Certification of Institutional Animal Care and Use Committee (IACUC)			
This project has been reviewed and approved by the IACUC in accordance with university regulations and policies governing the care and use of laboratory animals. The review has followed guidelines documented in Ethical Principles and Guidelines for the Use of Animals for Scientific Purposes edited by the National Research Council of Thailand.			
Date of Approval		Date of Expiration	
May 27, 2021		May 26, 2022	
Applicant Faculty/Institution			
Faculty of Veterinary Science			
Signature of Chairperson		Signature of Authorized Official	
Name and Title		Name and Title	
Assoc.Prof. Chairman		Prof.Dr.K Associate Dean (Research and Innovation)	
The official signing above certifies that the information provided on this form is correct. The institution assumes that investigators will take responsibility, and follow university regulations and policies for the care and use of animals.			
This approval is subjected to assurance given in the animal use protocol and may be required for future investigations and reviews.			



ISABELA STATE UNIVERSITY
Echague Campus
Isabela Philippines

INSTITUTIONAL ANIMAL CARE AND USE COMMITTEE (IACUC)

December 2, 2022

Dr. Si
School of Veterinary Medicine
Isabela State University
Echague, Isabela

This is to acknowledge receipt of your IACUC Form 1 (Animal Care and Use Statement) and research/procedure outline as follows:

Title of Proposed Procedure:

Tick Sample Collection in Cattle from Selected Farms in Isabela and Nueva Vizcaya

Assigned Protocol Number: 06-2022
Category: 1

I wish to inform you that the IACUC of the Isabela State University, Echague campus has reviewed the care and use of vertebrate animals in this study and had given the following action:

Approved: . You may now conduct your procedure.

Disapproved: . Please modify or change the procedure in the use of vertebrate animals in your proposed research as recommended by the IACUC. After complying with the recommendations you may proceed with your experiment.

Very truly yours,

JEN
Chair/Committee Member

ISUE-SVM-IAC-016
Effectivity: November 30, 2018

그림 29. 태국 쭈랄롱꼰 대학교의 ACUC 승인서(왼쪽), 필리핀 로스바뇨스 대학교의 협력 대학인 이사벨라 주립대학교의 IACUC 승인서(오른쪽).



UNIVERSITAS GADJAH MADA
FAKULTAS KEDOKTERAN HEWAN
KOMISI ETHICAL CLEARANCE
UNTUK PENELITIAN

KETERANGAN KELAIKAN ETIK
(Ethical clearance)

Nomor: 047/EC-FKH/Int./2023

Komisi Etik Penelitian Fakultas Kedokteran Hewan, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta, setelah mempelajari dengan seksama rancangan penelitian/kegiatan yang diusulkan, dengan ini menyatakan bahwa:

Judul : Identifikasi Caplak pada Hewan dan Kemungkinannya sebagai Vektor berbagai Agen Patogen

Peneliti Utama : Dr. drh.

Asal Lembaga/Tempat Penelitian : Fakultas Kedokteran Hewan UGM

telah dinyatakan memenuhi persyaratan etik untuk dilaksanakan.

Komisi Etik Penelitian mempunyai hak untuk melakukan pemantauan selama penelitian/kegiatan berlangsung.

Yogyakarta, 5 Juni 2023



Affidavit of Approval of Animal Use Protocol
National Taiwan University

Department: Veterinary Clinical Science

The animal use protocol listed below has been reviewed and approved by the Institutional Animal Care and Use Committee (IACUC).

Protocol Title: The investigation of tick species in Taiwan

IACUC Approval No: NTU-112-EL-00027

Period of Protocol: Valid From: 2023/03/30 To: 2024/12/31

Principal Investigator (PI): She

IACUC Chairman Shih

Date of Approval: 2023/03/31

Institutional Animal Care and Use
Committee (IACUC) NTU

그림 30. 인도네시아 가자마다 대학교의 EC 승인서(왼쪽), 대만 국립대만대학교의 IACUC 승인서(오른쪽).



MINISTRY OF EDUCATION AND TRAINING
NONG LAM UNIVERSITY - HO CHI MINH CITY
 Linh Trung Ward – Thu Duc District – Ho Chi Minh City
 Tel: 84 8 38966946 Fax: 84 8 38960713

Animal Ethics Committee
 Pursuant to Article 2962/QĐ-ĐHNL-TCCB on 27/10/2021
 Nong Lam University HCMC
<https://aec.hcmuaf.edu.vn/>
 Email: aec@hcmuaf.edu.vn



Date: 9 August 2023

Dear (Ms) Du

Animal Ethics Committees in Nong Lam University (AEC – NLU) have recently reviewed your application for the animal ethical approval of the project mentioned below. Your proposal fully meets the requirement of using animals in research that are in accordance with accepted international assessment standards adopted by the committee and Vietnam legislation. AECs is honor to grant the ethical approval

Approval No.: NLU-230515
 Project title: Prevalence of ectoparasites in wild birds from Long An province
 Funding source: Self-sufficient
 Principle investigator: Du
 Research Institution: Faculty of Animal Sciences and Veterinary Medicine, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam
 Site for research: Faculty of Animal Sciences and Veterinary Medicine, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam
 Approval date: August 9, 2023
 Expiry date: August 9, 2025
 AEC's decision: APPROVED

The standard conditions of this approval are (i) perform the protocol to use animal strictly as described in the application, any changes should be requested and approved by AEC-NLU; (ii) provide related adverse event reports immediately to have the appropriate advice, (iv) provide a satisfactory final report on project completion.

Please note that failure to follow the above conditions may result in withdrawal of this approval.

Best regards,


 Assoc. Prof. Dr. Ng
 Vice President - Nong Lam University - Ho Chi Minh city


 Assoc. Prof. Le
 Chair, Animal Ethics Committees

그림 31. 베트남 호치민 농림대학교의 AEC 승인서.

필리핀과 파키스탄의 경우, 연구 목적의 참진드기 시료 제공에 대해 공문으로써 승인하였다 (그림 32-33).



COLLEGE OF VETERINARY MEDICINE
UNIVERSITY OF THE PHILIPPINES LOS BAÑOS



Department of Veterinary Paraclinical Sciences

MATERIAL TRANSFER AGREEMENT FORM
 (to be filled in if exporting biological material)

SECTION A.

- Name of requesting organization/ individual: RE
- Physical address: Rodolfo S. Penevra Hall, Department of Veterinary Paraclinical Sciences, College of Veterinary Medicine, Archibald Ward St., University of the Philippines Los Baños, Los Baños, Laguna, Philippines
- Contact details:
 - Telephone no.:
 - Fax no.:
 - Cellphone no.:
 - E-mail address:

4. Name/s of Principal Investigator: : Chae

Title: Professor

Contact details:

- Telephone no.:
- Fax no.:
- Cellphone no.:
- E-mail address:

Title of the study: Developing an international cooperative network

against the emerging tick-borne viral zoonotic diseases

along the East Asian Flyway of migratory birds

Signature: 

Date: 7 December, 2022

The purpose of this agreement is to provide a record of the biological materials transfer, to memorialize the agreement between the PROVIDER SCIENTIST (identified above) and the RECIPIENT SCIENTIST (identified below) to abide by all terms and conditions of the Material Transfer Agreement (MTA) and to certify that the RECIPIENT organization (identified below) has accepted and signed a copy of the MTA. All materials collected derived from the Philippines shall remain the property of the Government of the Republic of the Philippines. For any commercial product derived from the exported material, the person from whom the samples were collected shall receive royalties. The RECIPIENT agrees to acknowledge the source of the materials in any publication reporting its use. The RECIPIENT agrees to use the MATERIAL in compliance with statutes and regulations.

그림 32. 필리핀 로스 바뇨스 대학교의 시료 제공 승인서.

Tel: 051-9245601
Fax: 051-9245590
Mail: naemashrafraja@yahoo.com



Director Biodiversity Program
Nagoya Protocol National Focal Point

No.F.9 (17)/2015-Bio
GOVERNMENT OF PAKISTAN
MINISTRY OF CLIMATE CHANGE
(LG&RD COMPLEX, G-5/2, Islamabad

May 23, 2023



Government of Pakistan
Ministry of Climate Change
No. F. 6-20/2019-CC

LG & RD Complex G-5/2,
Islamabad the 30th May, 2023

OFFICE MEMORANDUM

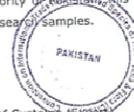
SUBJECT:- NOC FOR THE EXPORT OF TICK SPECIMENS TO SEOUL NATIONAL UNIVERSITY, SOUTH KOREA FOR RESEARCH PURPOSE.

Reference Department of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Animal Science Lahore's letter No. DVM-348 dated 15.05.2022 regarding export of tick specimens to Seoul National University Republic of Korea by Professor Dr. Muhammad Avasi, Department of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Animal Science Lahore. The following number will be sent to Republic of Korea:

S.#	No. of Tubes	No. of Tick Specimens
1.	30 Falcon Tubes	300

2. The samples are for **research purpose** to be sent to Prof. Chae, Professor/Internal Medicine (Large Animal) Room # 523, Building No. 85, 1 Gwanak-ro, Gwanak-gu, Seoul 08826, Republic of Korea.

3. The above indicated specimens are not listed on Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES). As CITES Management Authority of Pakistan, this Ministry has **no objection** on export of the above indicated research samples.



(Mu) 30/05/23
Conservator Wildlife

Deputy Collector of Customs (EXPORT),
Air Freight Unit (AFU),
Model Customs Collectorate Preventive,
Allama Iqbal International Airport,
Lahore.

Ccs

- i. Professor Dr. Muhammad Avasi, Department of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Animal Science Lahore.
- ii. Office Record.

Subject: Grant of permission in compliance to Nagoya Protocol to take ticks samples from Pakistan to Seoul National University, Seoul S. Korea.

Reference your letter No. DVM 348 dated 15-5-2023 soliciting permission for shipment of ticks samples collected from domestic animals kept in various locations of central Punjab, Pakistan.

2. In compliance to the Nagoya Protocol, this Ministry supports the non-commercial academic research endeavor and shipment of samples (containing 300 ticks) provided that the findings / publication be shared with Ministry of Climate Change, Islamabad (Pakistan) within 30 days of such publications etc. Further, in case any commercialization or patenting is triggered, the proponent must come for processing of fresh application.

(Na)

Prof. Dr. Mu
Department of Veterinary Medicine,
University of Veterinary and animal Science,
Lahore

Copy to:

Professor Dr. Chae, Prof. of Internal Medicine, Seoul National University, Seoul, Republic of Korea.

PS to the Secretary, Ministry of Climate Change, Islamabad
PS to IGF, Ministry of Climate Change and Environmental Coordination, Islamabad

그림 33. 파키스탄 라호르 수의과대학교의 시료 제공 승인서(왼쪽)와 시료 반출 승인서(오른쪽).

2) 야생조류 포획허가 취득

안전한 조류 포획 및 방사를 전문적으로 실시할 수 있는 연구원이 새그물을 설치하여 조류 포획 및 참진드기, 깃털 채집, 방사를 위한 허가를 각 지자체에 신청하여 취득하였다(그림 34-35).

■ 야생생물 보호 및 관리에 관한 법률 시행규칙 [별지 제28호서식] <개정 2015.3.25> (일부)

제 2022-32호

야생생물 포획·채취 등 허가증

허가 받은 자	성명	서울대학교 산학협력단 (최창용)	생년월일	
허가사항	종류	멧새류, 지빠귀류		
	수량	15종 1,100개체		
	목적	철새에 의한 중증열성혈소판 감소증후군의 진파 위험 평가	방법	조류포획 전용그물
	기간	2022. 4. 20. ~ 2022. 12. 20.		
포획·채취 등 구역	웅진군 백령대청면 일원			

「야생생물 보호 및 관리에 관한 법률」 제19조제1항 및 같은 법 시행규칙 제25조제2항에 따라 위 야생생물의 포획·채취 등을 허가합니다.

2022년 4월 14일

웅진군수

준수사항

- 야생생물의 포획·채취 등을 할 때에는 허가증을 휴대하여야 합니다.
- 포획·채취 등을 한 야생생물은 포획·채취 등을 한 후 5일 이내에 시장·군수 또는 구청장에게 신고하여야 하며, 신고하기 전에 해당 야생생물을 포획지역이 속한 시·군·구 밖으로 반출하거나 가공하여서는 안됩니다.
- 폭발물·극약·독약 또는 함정 등 위험한 방법으로 야생생물을 포획하지 못합니다.
- 포획·채취 등이 끝났을 때에는 허가증을 시장·군수 또는 구청장에게 반납하여야 합니다.

210mm×297mm(복합지 120g/㎡)

2022-04-14 16:55:33 / 환경녹지과 / 김종필

제 433000085202200003 호

야생생물 포획·채취 등 허가증

허가받은자	성명	최창용	생년월일			
허가사항	종류	도리새류 백여	흰배지빠귀 노랑머릿새	관유리새 쇠박새	진박새	곤돌박이
	수량	10	10	10	10	10
허가사	목적	학술연구(신규 진드기 매개체이러 스성 인수공통질병 예방)		방법	세그물	
	기간	2022-05-20 ~ 2022-12-20				
항	포획·채취 등 구역	강원도 인제군 기린면 진동리 (점봉산일대)				

「야생생물 보호 및 관리에 관한 법률」 제19조제1항 및 같은 법 시행규칙 제25조제2항에 따라 위 야생생물의 포획·채취 등을 허가합니다.

2022년 06월 20일

인제군수

<준수사항>

- 야생생물을 포획할 때에는 허가증을 휴대하여야 합니다.
- 포획한 야생생물은 포획한 후 5일 이내에 시장·군수 또는 구청장에게 신고하여야 하며, 신고하기 전에 해당 야생생물을 포획지역이 속한 시·군·구 밖으로 반출하거나 가공하여서는 안 됩니다.
- 폭발물·극약·독약 또는 함정 등 위험한 방법으로 야생생물을 포획하지 못합니다.
- 포획기간이 만료된 때에는 허가증을 시장·군수 또는 구청장에게 반납하여야 합니다.

그림 34. 지자체별 야생동물포획허가증(2022년).

■ 야생생물 보호 및 관리에 관한 법률 시행규칙 [별지 제28호서식] <개정 2015.3.25> (일부)

제 2023-40호

야생동물 포획·채취 허가증

허가 받은 자	성명	서울대학교 산학협력단 (최창용)	생년월일	
허가사항	종류	멧새류, 지빠귀류		
	수량	멧새류(1050개체), 지빠귀류(50개체)		
	목적	학술연구(실제 이동경로상의 신규 진드기 매개체 위험 평가)	방법	세그물로 포획 (조사 후 야생으로 방사)
	기간	2023. 3. 1. ~ 2023. 12. 20.		
포획구역	웅진군 대청면 및 백령면 일대			

「야생생물 보호 및 관리에 관한 법률」 제19조제1항 및 같은 법 시행규칙 제25조제2항에 따라 위 야생동물의 포획을 허가합니다.

2023년 2월 27일

웅진군수

준수사항

- 야생동물을 포획할 때에는 허가증을 휴대하여야 합니다.
- 포획한 야생동물은 포획한 후 5일 이내에 시장·군수 또는 구청장에게 신고하여야 하며, 신고하기 전에 해당 야생동물을 포획지역이 속한 시·군·구 밖으로 반출하거나 가공하여서는 안됩니다.
- 폭발물·극약·독약 또는 함정 등 위험한 방법으로 야생동물을 포획하지 못합니다.
- 포획기간이 만료된 때에는 허가증을 시장·군수 또는 구청장에게 반납하여야 합니다.

210mm×297mm(복합지 120g/㎡)

2023-02-27 16:21:22 / 환경녹지과 / 김종필

제2023-1호

야생생물 포획·채취 등 허가증

허가 받은 자	성명	서울대학교 산학협력단 (최창용 조교수)	생년월일	
허가사항	종류	멧새류, 지빠귀류, 물까치		
	수량	멧새류 50개체, 지빠귀류 20개체, 박새류 30개체, 물까치 20개체		
허가사	목적	학술연구 (동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기 매개체 위험 평가)	방법	세그물, 까치트랩
	기간	2023. 6. 1. ~ 2023. 12. 20.		
항	포획·채취 등 구역	광주시 도척면 서울대학교 태화산 학술림 내		

「야생생물 보호 및 관리에 관한 법률」 제19조제1항 및 같은 법 시행규칙 제25조제2항에 따라 위 야생생물의 포획·채취 등을 허가합니다.

2023년 5월 23일

광주시장

준수사항

- 야생생물의 포획·채취 등을 할 때에는 허가증을 휴대하여야 합니다.
- 포획·채취 등을 한 야생생물은 포획·채취 등을 한 후 5일 이내에 시장·군수 또는 구청장에게 신고하여야 하며, 신고하기 전에 해당 야생생물을 포획지역이 속한 시·군·구 밖으로 반출하거나 가공하여서는 안됩니다.
- 폭발물·극약·독약 또는 함정 등 위험한 방법으로 야생생물을 포획하지 못합니다.
- 포획·채취 등이 끝났을 때에는 허가증을 시장·군수 또는 구청장에게 반납하여야 합니다.

210mm×297mm(복합지 120g/㎡)

그림 35. 지자체별 야생동물포획허가증(2023년).

3) 국내 시료 수집을 위한 협력 및 자문 회의

2022년 5월부터 2023년 11월까지 전국 6개 야생동물구조관리센터(강원도 야생동물구조센터, 경기도 야생동물구조관리센터, 경기북부 야생동물구조관리센터, 충북 야생동물구조관리센터, 울산시설공단 야생동물 구조관리센터, 부산 낙동강하구에코센터, 그림 36)를 각 3회씩 총 18회 방문하여, 철새를 비롯한 국내 서식 야생동물 유래 참진드기, 혈액 및 비장 조직 수집의 협조를 요청하고, 자문 및 분석 결과 회의를 실시하였다(그림 37).

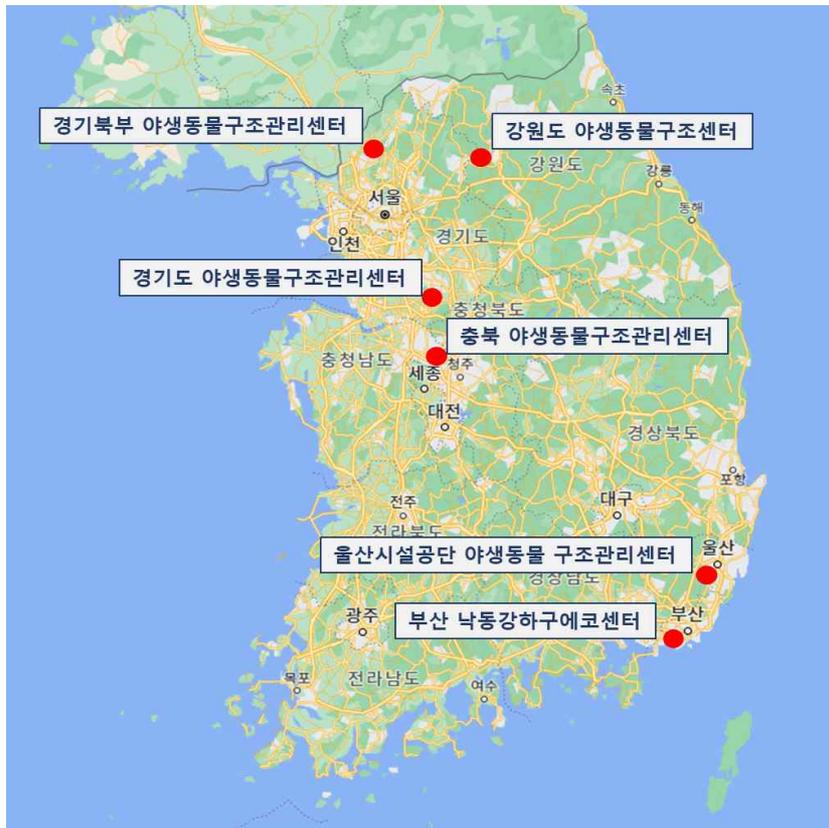


그림 36. 참진드기, 혈액 및 비장 시료 수집을 위해 협조된 국내 6개 야생동물구조관리센터.



그림 37. 야생동물 구조관리센터 시료 협조 회의(왼쪽, 울산시설공단; 오른쪽, 경기북부야생동물구조관리센터).

참진드기를 비롯한 야생동물의 혈액 및 비장 시료 수집에 관련하여 각 야생동물구조관리센터로 협조 요청 공문을 발송하고, 시료 채집에 필요한 물품을 사전에 제공하여 적극적인 연구 협력을 요청하였다(그림 38-39). 이후 각 야생동물구조관리센터에서 채집된 시료는 택배 발송 또는 직접 전달받아, 시료 목록을 작성하고 실험실적 검사 전까지 냉동 보관하였다. 시료 목록에는 시료번호, 시료 채집일자, 채집 지역의 위치, 지리적 특성과 해당지역에 분포하는 야생동물 종, 시료 유래 동물의 종, 성별, 추정 연령 등의 정보를 기록하였다. 특히 참진드기는 형태학적 종 동정을 실시한 후 -80°C 보관하였으며, 종 동정 및 성별, 발육단계 확인 결과 또한 시료 목록에 함께 기록하였다.

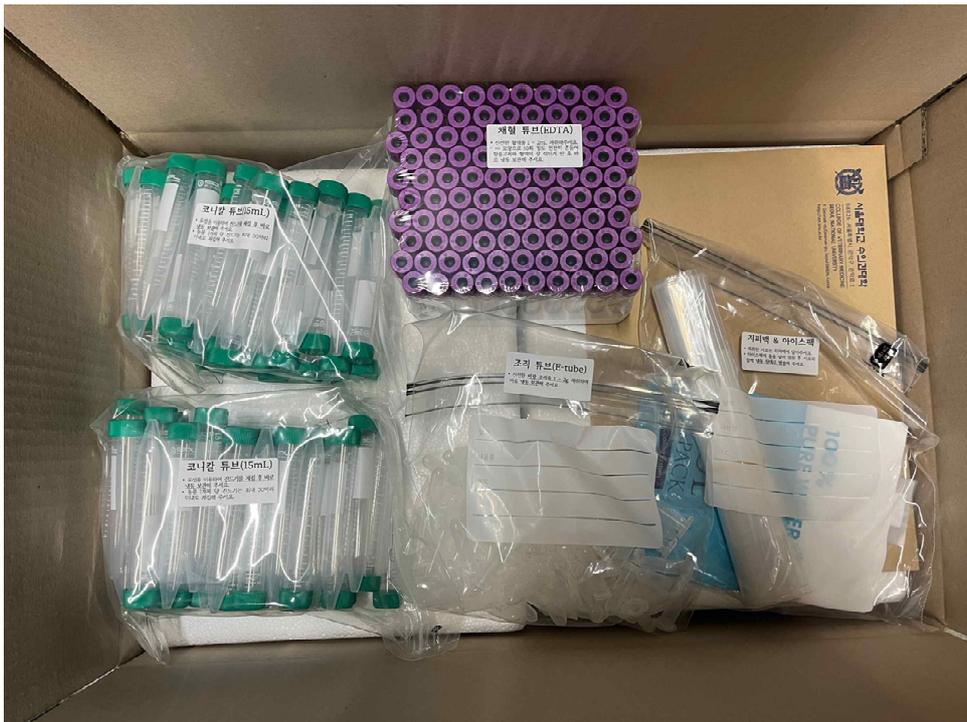


그림 38. 각 야생동물구조관리센터에 제공된 시료 채집 세트.

미래를 개척하는 지식공동체



산학협력단

수신 수신자 참조
(경유)

제목 국내 야생동물의 참진드기매개질병 감염실태 조사를 위한 시료 제공 협조 요청(차 교수)

1. 귀 기관의 발전을 기원합니다.
2. 2022년도 농림식품기술기획평가원(IPET) 지원으로 우리 대학교에서 수행 중인 아래 연구과제와 관련하여 귀 기관의 야생동물 및 참진드기 시료를 제공 받아 연구를 수행하고자 하오니 협조하여 주시기 바랍니다.
가. 이용목적: 전염병 병원체의 역학조사 차원에서 참진드기에 노출될 수 있는 야생동물의 혈액 및 비장 조직 시료, 흡혈 참진드기로부터 병원체 조사
나. 과제 정보

사 업 명	연구책임자(연구원)소속	과 제 명	총 연구기간
농림축산식품부 가축질병대응기술 고도화지원사업	최창윤(대) /서울대학교	동아시아 절새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 네트워크 구축	2022. 4. 8. ~ 2023. 12. 31.

다. 협조 요청사항

대상 동물	시료 종류	비 고
야생동물(조류, 파충류, 포유류 등)	흡혈 참진드기 야생동물의 혈액, 비장 조직	• 매월 마지막 주 월/화요일 택배 송부(착불) • 관련 필요 물품 제공

끝.

야생동물(조류/파충류/포유류) 및 흡혈 참진드기 샘플 수집

샘플 수집 목적 : 병원체 조사
 샘플 수집 기간 : 2022. 5. ~ 2023. 10. 31.
 조사자 :
 협조기관 : 야생동물센터 외

1. 흡혈 참진드기
- 동물로부터 채집하여 튜브에 담아 살아있는 상태에서 -20°C에 냉동보관
- 코니칼 튜브(15ml) 사용
- 동물(host) 1개체 당 최대 30마리 이내 채집

2. 야생동물(조류, 포유류, 파충류 등 모든 야생동물) 혈액, 비장 조직
- 혈액은 항응고제 처리된 튜브에 받아 10회 정도 ∞모양으로 천천히 잘 섞어준 후 냉동보관 (혈액 1 ~ 2 ml)
- 비장 조직(신선한 사체 비장 조직 1 ~ 5g 튜브에 담아 냉동보관)

* 튜브 또는 채혈병이 필요한 경우 보내줄 수 있음.
* 채집한 샘플은 택배 배송(아이스팩 등) 또는 직접 방문 수거
* 채집 샘플 관련 정보는 엑셀 서식에 맞게 작성하여 E-mail 발송 요망

- 필요한 정보 : 채집일, 동물 종, 서식지 특성 등 엑셀 양식

그림 39. 야생동물 유래의 참진드기, 혈액 및 비장 시료 제공 협조 공문 (왼쪽), 시료 수집 안내문 (오른쪽).

4) 이동철새 포획을 통한 참진드기 수집

철새에 의한 참진드기의 국내 반입을 평가하기 위해 철새 중 가장 큰 비율을 차지하는 소형 산새류의 국내 통과시기인 봄(4-5월), 가을(9-11월)에 집중적으로 철새 포획을 실시하였다. 주요 포획 장소는 국내 통과 철새류들의 주요 중간기착지이며 수도권에서 근접한 인천광역시 옹진군 대청도로, 2022-2023년 봄, 가을에 각각 10~20일간 조사를 실시하였다. 또한 국내 통과 철새에 기생하는 참진드기와 내륙에 서식하는 조류에게서 기생하는 참진드기의 구성비 및 감염율을 비교하기 위해 번식시기(6-7월), 월동시기(11-2월)에 각각 1-2일간 강원도 인제군 점봉산, 경기도 광주시 태화산, 경기도 화성시 송산면의 산림, 야산 지대에서 번식, 월동하는 산새류를 포획하여 참진드기를 수집하였다(표 7, 그림 40-41).

표 7. 이동 철새 포획을 통한 참진드기 수집 일정

시기구분	일자(조사일수)	장소	조사대상
봄철이동	2022년 봄철이동시기(12일)	인천 대청도	월동지에서 체류하고 북상하는 개체 (동남아/중국 남부 지역 감염개체 수집)
	2023년 봄철이동시기(15일)		
번식	2023년 3월 31일(1일)	경기도 화성	국내에서 번식하는 개체 (국내 연중서식 감염개체 수집)
	2022년 7월 27-28일(2일)	강원도 점봉산	
가을철이동	2022년 가을철이동시기(10일)	인천 대청도	번식지에서 체류하고 남하하는 개체 (러시아, 몽골, 중국, 북한 지역 감염개체 수집)
	2023년 가을철이동시기(20일)		
	2022년 11월 4-7일(4일)	충남 태안(몽산포)	
	2023년 9월 1일, 12일(2일)	강원도 점봉산	
월동	2022년 2월 23-24일(2일)	제주도 성산	국내에서 월동하는 개체 (국내 연중서식 감염개체 수집)
	2022년 12월 15일(1일)	경기도 화성	
	2023년 1월 18일(1일)		
	2022년 12월 19-20일(2일)	경기도 태화산	

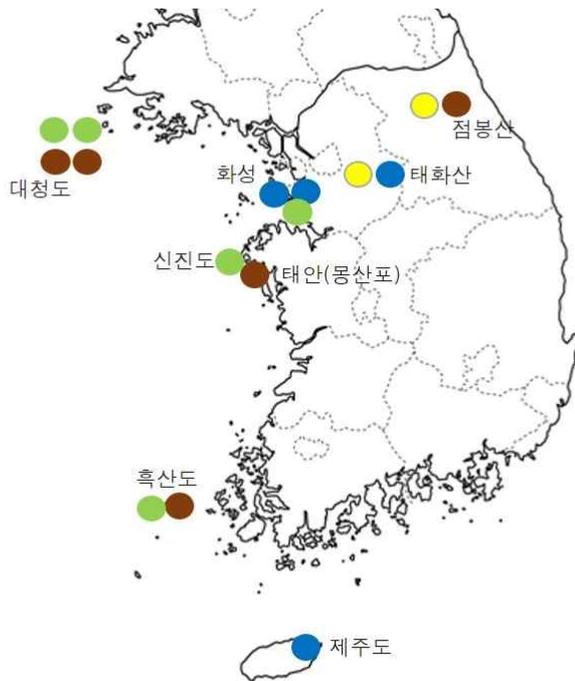


그림 40. 이동조류 포획 및 서식지 참진드기 수집 조사지역 지도(연두: 봄철이동시기 조사지역, 노랑: 번식기 조사지역, 갈색: 가을철이동시기 조사지역, 파랑: 월동기 조사지역)



그림 41. 초지로 구성된 봄철 대청도 조사지역(왼쪽) 및 습지로 구성된 가을철 대청도 조사지역(오른쪽).

조류 포획은 포획 당시의 안전 뿐만아니라 방사 이후 생태에 영향을 주지 않아야 하므로 반드시 일정 기간 이상의 훈련을 마친 전문 연구자가 수행해야 한다. 본 연구팀은 조류 포획 및 시료 수집에 있어서 국내 조류포획 프로토콜(Nam et al., 2014)을 엄격히 준수하며 실시하였으며, 수집된 모든 정보 역시 조류포획 프로토콜에 따라 기록하였다(Nam et al., 2014, 그림 42-44). 조류 포획을 통한 참진드기 수집 과정은 다음과 같다.

- ① 철새 서식지에 새그물을 설치하고 오전6시-오후5시 사이에 30분 간격으로 그물을 확인하여 조류 포획
- ② 포획한 모든 조류는 개체정보가 있는 가락지를 부착한 후 핀셋으로 깃털을 훑으며 참진드기 수집
- ③ 참진드기가 발견된 개체는 번식지 파악을 위해 꼬리깃털 1개 수집
- ④ 포획된 조류가 스트레스를 받지 않도록 모든 조사를 30분 이내에 끝내고 안전하게 방사
- ⑤ 이후 재포획된 조류는 몸무게와 지방량 등을 측정하여 개체의 건강상태 변화를 확인

No. 3

Date: 2023. 10. 24

가락지부착조사 기록표

Weather: 맑음 (cloudy)
Location: 대청호 (N E)

net length	#nets	open	close
12	2	7:00	15:00
6	1	1	15:00

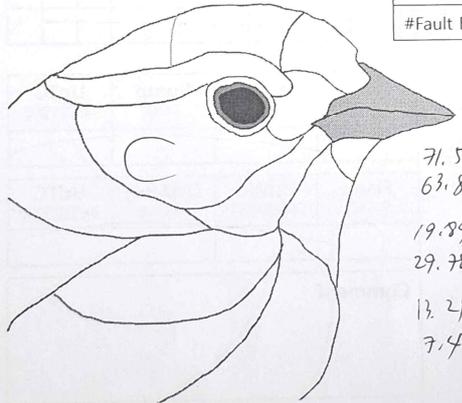
Re	Time	Ring ID	Species	Sex	Age	Wing	Tail	Tarsus	Head	Bill (S/F/M/C)	Mass	SO	Fat	Sample (Parasite)	(Iso)	Notes
13	11:30	021-21003	구렁이	F	A	67.7	61.4				18.1	6	3			F/C
10	:	04		M	A	74.0	68.1				18.1	6	4			F/C
13	:	05		M	W	72.2	64.3				18.2	3	4	0100011000104 (L. exs.) (Tick CR. Malar)		F/C
10	:	06		M	W	69.5	61.0				19.5	3	1C			F/C
10	:	07		M	A	73.0	56.9				19.8	6	4			F/C
10	:	08		F	A	68.2	62.0				15.5	6	4	1 tick CR. Malar		F/C
13	:	09		F	A	66.5	59.8				19.0	7	4			F/C
10	:	10		M	W	70.0	63.0				17.8	2	4	1 mite (L. far) not collected		F/C M?
13	:	11		M	A	71.1	66.3				19.9	6	5	2 mites (L. encovover) not collected		F/C
13	RP 8:30	020-36897	구렁이	F	A						16.5	-	2			F/C 10/22
10	:	020-21065	개개비	M	W	86.9					28.6	3	4			F/C 10/20
12	:	020-36894	구렁이	M	W						18.1	2	3			F/C
13	:	020-36896	노랑검정 딱새	M	W						19.4	3	3			F/C 10/22
10	:	020-45061	노랑검정 딱새	M	W						6.5	4	4			F/C 10/22
10	:	020-36821	노랑검정 딱새	F	W						18.8	2	2			F/C 10/22

그림 42. 포획한 모든 조류를 기록하는 가락지부착조사 기록표.

날짜	장소	ID	종명	성별	연령
2023. 10. 21	대청호	020-36762	spodocephala	M	W

P	S	PC	GC	AI	CC
첫째날개깃	둘째날개깃	첫째날개덮깃	큰날개덮깃	작은날개깃	사이날개깃
	52?			0?	0

T 꼬리깃	L6	L5	L4	L3	L2	L1	R1	R2	R3	R4	R5	R6
Score	0											0
#Fault Bars							1	1	2			



71.5

63.8

19.89

29.78

13.21

7.41

Sc	Back	Rump	UpTC
어깨깃	등	허리	위꼬리덮깃
C	C	C	C

Flank	UdWC	Chest/Belly	UdTC
옆구리	아래날개덮깃	가슴/배	아래꼬리덮깃
C	C	C	C

Comment

2 C F

1 onset try (UpTC)

그림 43. 참진드기 수집 위치를 표시할 수 있는 깃털갈이 기록표.



그림 44. 포획조류에서 참진드기 수집 과정: 새그물 설치(왼쪽 위), 포획된 조류 수거(오른쪽 위), 개체별 인식표(금속가락지) 부착(왼쪽 아래), 몸 각 부위별 참진드기 수집(오른쪽 아래).

5) 서식지 참진드기 수집

철새 이동의 중간기착지에 서식하는 참진드기의 종 구성으로부터 참진드기의 외래 유입 정도를 평가할 수 있다. 철새 포획을 통한 참진드기 수집과 마찬가지로 소형 산새류의 국내 통과시기인 봄(4-5월), 가을(9-11월)에 서식지의 참진드기를 수집하였으며, 주요 수집 장소는 국내 통과 철새류들의 주요 중간기착지인 인천광역시 옹진군 대청도와 전라남도 신안군 흑산도이다. 또한 철새 중간기착지에서 서식하는 참진드기와 내륙에 서식하는 참진드기의 구성비 및 감염율을 비교하기 위해 번식시기(6-7월)에 각각 1-2일간 강원도 인제군 점봉산, 경기도 광주시 태화산의 산림 지대에서 번식하는 산새류를 포획하여 참진드기를 수집하였다(표 8, 그림 45-46). 겨울철에는 참진드기의 활동이 거의 없기 때문에 월동기 조사(11-2월)는 실시하지 않았다.

표 8. 서식지 Dragging을 통한 참진드기 수집일정

시기구분	일자	장소	조사지역
봄철이동	2023년 봄철 이동시기(2일)	전남 흑산도	월동지에서 체류하고 북상하는 조류의 중간기착지
	2023년 봄철 이동시기(1일)	인천 대청도	
	2023년 5월15일(1일)	충남 신진도	
번식	2022년 7월27-28일(2일)	강원도 점봉산	국내에서 번식하는 조류의 서식지
	2023년 6월 8일(1일)	경기도 태화산	
가을철이동	2022년 9월21-24일(2일)	전남 흑산도	번식지에서 체류하고 남하하는 조류의 중간기착지
	2022년 가을철이동시기(2일)	인천 대청도	

철새 서식지의 참진드기 수집은 드래깅(dragging) 방식을 사용하였다. 드래깅(dragging)은 서식지에 일정한 넓이의 밝은색 천을 바닥에 깔아 천에 붙어있는 참진드기를 수집하는 방식으로, 기존에 사용되는 드래깅(dragging) 프로토콜(Mays et al. 2016, Salomon et al. 2020)을 개량하여 프로토콜을 작성하고, 네트워크 국가의 연구진이 사용할 수 있도록 동영상 매뉴얼을 제작, 배포하였다.

서식지에서 참진드기 수집 방법은 다음과 같다.

- ① 진드기 서식지로서의 신뢰할 수 있는 영역인 750m² (15m*50구역) 이상 조사를 실시하였다.
- ② 흰색 천을 끌면서 분당 50m의 속도로 이동하였다.
- ③ 매 15m마다 멈추고 가는 핀셋으로 천 바닥에 붙은 참진드기를 수집하여 각 구역별로 튜브에 옮겨 담았다.

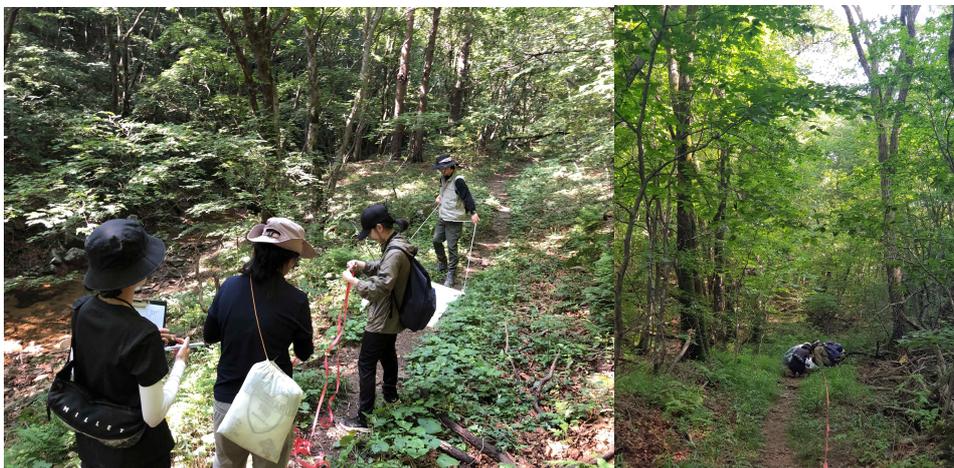


그림 45. 점봉산 참진드기 수집지역(임도).



그림 46. 흑산도 참진드기 수집지역(왼쪽부터 임도, 초지, 가축방목초지).



그림 47. 드래깅(dragging) 매뉴얼 동영상 제작 (https://youtu.be/3MSyKi_znhk).

서식지에서 포유류가 포획되거나 사체를 발견하는 경우 역시 참진드기를 수집하였다(그림 48)



그림 48. 너구리(왼쪽)와 개(오른쪽)에게서 참진드기 수집.

6) 국외시료수집

정량적, 지속적인 시료 수집을 위해 포획 조류로부터의 참진드기 수집 및 조류 서식지에서의 참진드기 수집에 대한 매뉴얼을 제작, 배포하였다(그림 49). 또한 각 네트워크 국가의 조사지를 1회 방문하여 현지 연구원과 공동 조사 및 참진드기 수집 트레이닝을 실시하였다.

Tick collect from birds

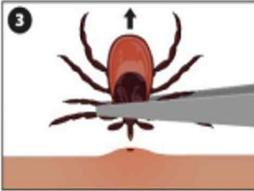
✓ **Remove the ticks from bird(or people)**

- Use fine-tipped forceps
- grasp the tick as close as possible to skin
- Slowly pull up at even pressure
- Collect the rightmost tail feather for isotope analysis





2



3

By National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases (U.S.)

Tick Dragging

✓ **Drag set**

- Drag(Flannel fabric 1m x 1m)
- Stick(Over 1m)
- Nylon rope 3~4m
- Metal fishing weights

✓ **Forceps**

✓ **Collection tubes or vials**

✓ **Masking tape or roller**

✓ **Data sheet**





그림 49. 국외 공동연구자용 포획조류에서 참진드기 수집(위) 및 조류 서식지에서의 참진드기 수집(아래) 매뉴얼.

(1) 태국

태국 쭈랄롱꼰대학교 수의학부(Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University) 기생충학연구실 Mo 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하고, 2022년 8월 8일부터 12일까지 쭈랄롱꼰대학교 Saraburi 캠퍼스 인근 목장 3개소에서 참진드기 채집을 실시하였다. 현지 조사지의 식생 조사, 초지 또는 덩불에서 참진드기 채집을 진행하거나, 방목하는 동물(소, 개)를 보정하여 직접 참진드기를 확보하였으며, Saraburi 캠퍼스 내에서는 조류, 박쥐 등을 포획한 후 참진드기를 채집하였다. 이 외에 태국 공동연구팀에서 기존에 보유중인 참진드기를 제공받았다(그림 50-55).

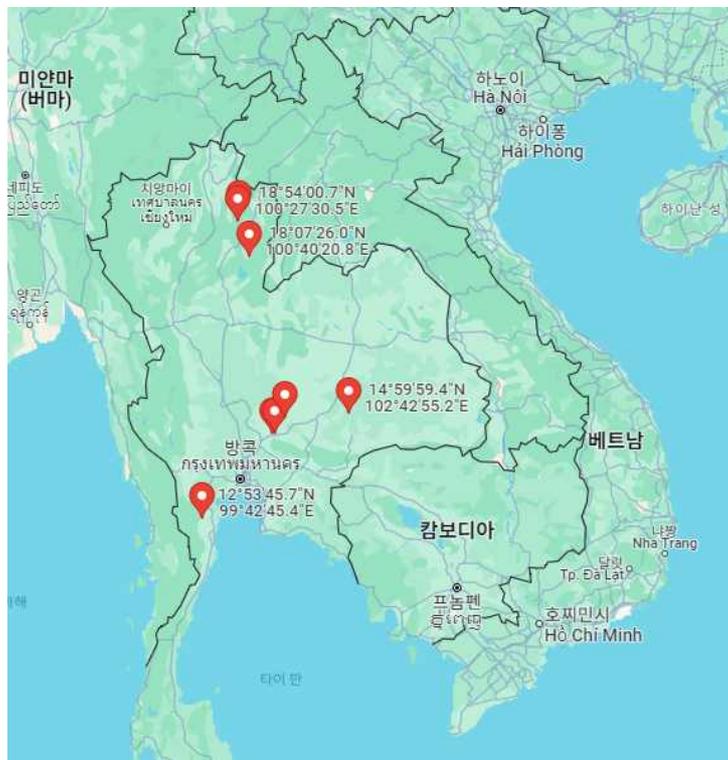


그림 50. 태국에서 시료조사가 이루어진 지역.



그림 51. 태국 Saraburi 인근 초지에서 참진드기 채집.



그림 52. 태국 Saraburi 인근 목장에서 개로부터 참진드기 채집.



그림 53. 태국 Saraburi 인근 젖소 목장에서 참진드기 채집.



그림 54. 태국 쫄랄롱꼰대학교 Saraburi 캠퍼스에서 조류 포획 네트를 설치하여 포획한 새와 박쥐에서 흡혈 참진드기 조사 및 채혈.



그림 55. 태국 쾨랄롱꼰대학교 Saraburi 캠퍼스에서 박쥐 네트를 설치하여 포획한 박쥐에서 흡혈 참진드기 조사 및 채혈.

(2) 몽골

몽골 Wildlife Science and Conservation Center of Mongolia(WSCC)의 Ny 센터장과 철새이동과 연관된 참진드기매개질병 연구 협약 체결하고, 2022년 8월 13일부터 18일까지 Kentii 주 Khrukh Bird Ringing Station를 방문하였다. 조사지인 Khrukh Bird Ringing Station은 현지에서 번식하거나 러시아에서 번식을 마치고 남하하는 철새의 주요 중간기착지로, 공동 철새포획조사를 실시하고 참진드기를 수집하였다(그림 56-57).

2022년 가을철 이동시기인 2022년 8월 19일부터 10월 10일까지, 그리고 2023년 봄철 이동시기인 4월 22일부터 6월 9일까지 Khrukh Bird Ringing Station 현지 연구원이 참진드기를 수집하여 국내로 반입하여 국내에서 동정 및 질병유전자 분석을 실시하였으며, 2023년 가을철 이동시기인 8월 13일부터 10월 11일까지 현지 연구원이 철새에서 수집한 참진드기 및 철새 서식지에서 드래깅(dragging)하여 수집한 참진드기를 반입하여 동정을 실시하였다.



그림 56. 조류 및 서식지에서의 참진드기 수집방법에 대한 field training(왼쪽 사진), 철새조사구역에서 드래깅(dragging)으로 참진드기 수집(오른쪽 사진).



그림 57. 초지와 관목으로 구성된 조사지 전경(왼쪽 위), 설치된 새그물을 주기적으로 확인하여 조류 포획(오른쪽 위), 가락지부착 및 시료수집을 할 수 있는 스테이션 내부(왼쪽 아래), 참진드기 감염개체의 성별, 연령, 개체크기의 정보를 기록하는 야장(오른쪽 아래).

(3) 홍콩

홍콩 전체의 가락지부착조사 체계를 담당하는 기관인 Hong Kong Birdwatching Society (HKBWS)와 철새이동과 연관된 참진드기매개질병 연구 협약 체결하고 2023년 3월 5일부터 10일까지 Maipo 습지 및 Tai po kau 자연보호구역 장기생태연구지를 방문하여 공동조사를 실시하였다. 조사지인 Maipo 습지는 봄철 북상을 시작하는 철새의 주요 중간기착지이며 Tai po kau 자연보호구역 장기생태연구지는 번식 및 이동성 조류가 모두 관찰되는 지역으로, HKBWS 연구팀 및 지역 철새모니터링팀과 함께 조류에 기생하는 참진드기를 수집하고, 참진드기가 발견된 조류에서 깃털을 수집하였다. 또한 산림성 서식지인 Tai po kau 자연보호구역에서 드래깅(dragging)으로 서식지 참진드기를 수집하였다(그림 58-59).

공동조사 이후 현지 연구원이 2023년 가을철 및 월동기간동안 참진드기를 수집하여 12월 말에 국내로 반입하여 분류 및 동정을 실시하였다.



그림 58. 조사지인 Mai po 습지(왼쪽)와 Tai po kau 자연보호구역(오른쪽) 산림지.



그림 59. Mai po 습지에서 철새포획 및 참진드기 수집조사(왼쪽 위), Tai po kau 자연보호구역에서 철새포획 및 참진드기 수집조사(오른쪽 위), 참진드기에 감염된 조류(왼쪽 아래), 서식지 드래깅(dragging)을 통한 참진드기 수집 트레이닝(오른쪽 아래).

(4) 필리핀

필리핀 로스바노스 수의과대학(College of Veterinary Medicine, University of the Philippines Los Banos) 준임상과학연구실 Re 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2022년 12월 3일부터 8일까지 필리핀 이사벨라 지역 내 목장(Charles Lim farm) 및 누에바 비즈카야 지역 내 목장(Fortuna Grande farm)에서 참진드기 채집을 진행하였다. 필리핀 이사벨라대학교 수의학부에서 기존 보유 중인 참진드기를 제공받거나 현지 조사 지역 또는 방목지역의 보정된 소로부터 직접 참진드기 채집을 진행하였다(그림 60-61).



그림 60. 이사벨라 및 누에바 비즈카야 지역 내 목장에서 참진드기 채집하는 과정.

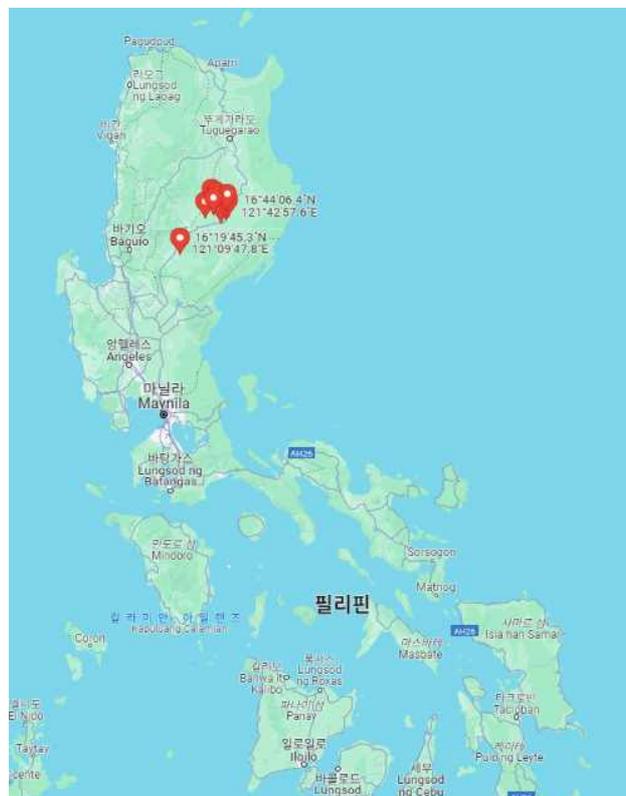


그림 61. 필리핀에서 시료조사가 이루어진 지역.

(5) 베트남 하노이

베트남 농업국립대학교(Vietnam National University of Agriculture) 기생충학연구실 Bui 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2022년 12월 15일부터 20일까지 베트남 Cuc Phuong 국립공원, 야생동물 구조센터(Save Vietnam Wildlife Organization), Ba vi cattle and Forage Research Center 내 방목지 및 목장 3개소 및 베트남 농업 국립대학교 내 Dog Training Center를 방문하여 참진드기 채집을 진행하였다(그림 62).

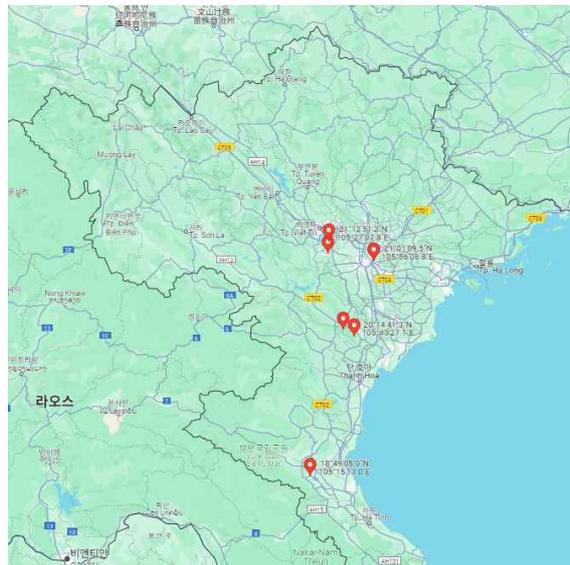


그림 62. 베트남 하노이에서 시료조사가 진행된 지역.

베트남에서 기존 보유 중인 참진드기를 제공받거나 현지 조사간 식생 또는 동물(소, 개)로부터 직접 채집을 통해 참진드기를 확보하였다. Cuc Phuong 국립공원 내·외부 야생동물 출몰 지역에서는 플래깅(flagging)을 통해 참진드기를 확보하였다(그림 63). Cuc Phuong 국립공원 내 야생동물 구조 센터(Save Vietnam Wildlife Organization)에서 관리 중인 천산갑에서 참진드기 흡혈 여부 확인하였으나, 채집기간 동안에는 흡혈중인 참진드기를 발견하지 못하여, 추후 예정된 국제심포지엄기간에 천산갑에서 채집한 참진드기를 전달한다는 약속 받았다.



그림 63. Cuc Phoung 국립공원 및 Ba vi 지역 내 목장에서 참진드기 수집조사.

(6) 일본

토카이 대학(Tokai University) 생물학부와 철새이동과 연관된 참진드기매개질병 연구 협약 체결하고, 2023년 4월 21일부터 25일까지 일본 삼림총합연구소 홋카이도 지소의 히츠지가오

카 시험림을 방문하여 공동조사를 실시하였다. 조사지인 히츠지가오카 시험림은 30년 이상 가락지부착조사를 통해 철새이동조사를 진행한 지역으로 토카이 대학(마 교수팀), 삼림총합연구소(카 전임원장 팀)이 공동으로 조사 수행중인 지역이다. 조류에 기생하는 참진드기를 수집하고, 참진드기가 발견된 조류에서 깃털 수집 드래깅(dragging)으로 서식지 참진드기를 수집하여 국내 반입 후 동정, 질병 유전자분석을 실시하였다(그림 64).

공동조사 후 현지 연구원이 봄철 이동시기인 2023년 4월 25일부터 5월 19일까지 철새 포획 및 서식지 드래깅(dragging)으로부터 참진드기를 수집하여 국내 반입 후 참진드기 동정, 질병 유전자 분석을 실시하였으며, 번식기인 2023년 5월 31일부터 8월 11일까지, 가을철 이동시기인 9월 3일부터 10월 26일까지 현지 연구원이 수집하여 국내 반입한 참진드기를 분류 및 동정하였다.



그림 64. 조사지인 홋카이도 히츠지가오카 시험림(위 왼쪽), 시험림 내 철새 포획조사(위 오른쪽), 포획된 조류(가운데 왼쪽), 서식지 드래깅(dragging) (가운데 오른쪽), 포획된 철새에서 참진드기 수집(아래 왼쪽), 참진드기에 감염된 조류(아래 오른쪽).

(7) 인도네시아

인도네시아 가자마다 수의학부(Faculty of Veterinary Science, Universitas Gadjah Mada) 기생충학연구실 An 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2023년 2월 22일부터 2월 25일까지 인도네시아 가자마다 대학 캠퍼스 인근 목장, 뱀 도살장(snake slaughterhouse)에서 참진드기를 채집하였다. 인도네시아 현지 조사간 식생 또는 보정된 방목동물(소, 개)로부터 직접 채집을 통해 참진드기를 확보하였으며, 뱀 도살장(snake slaughterhouse)에서 사육하는 동물원 파충류에서 직접 채집을 통한 참진드기를 확보하였다(그림 65-66).



그림 65. 인도네시아에서 시료조사가 이루어진 지역.



그림 66. 인도네시아 가자마다 대학 인근 목장 및 뱀도살장(snake slaughterhouse) 에서 참진드기 수집조사.

(8) 파키스탄

파키스탄 수의동물과학대학교 수의학부(Faculty of Veterinary Science, University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore-Pakistan)의 교수팀과 참진드기 매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2023년 3월 13일부터 3월 15일까지 파키스탄 구즈란와라(Gujranwala) 인근 목장에서 참진드기를 채집하였다. 파키스탄에서 기존 보유 중인 참진드기를 제공받거나 현지 조사간 식생 또는 보정된 방목동물(소, 개)에서 직접 채집을 통해 참진드기를 확보하였다(그림 67-68).

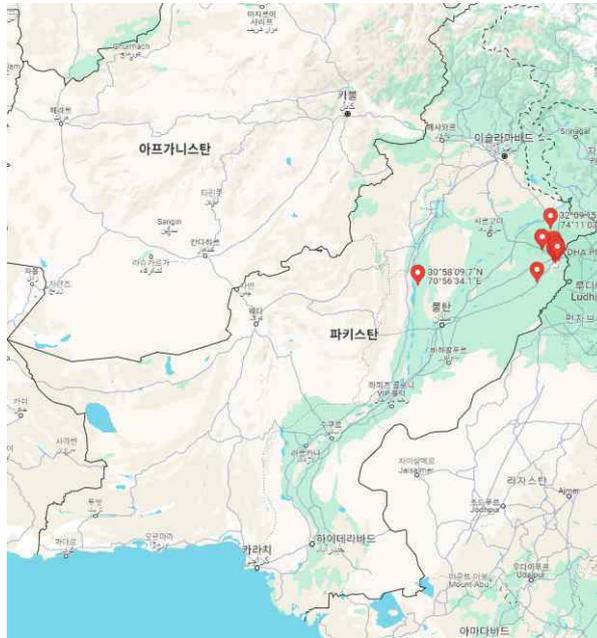


그림 67. 파키스탄에서 시료조사가 이루어진 지역.



그림 68. 파키스탄 구즈란와라(Gujranwala) 인근 목장에서 참진드기 수집조사.

(9) 대만

대만 국립대만대학교 수의 임상학 연구소(Institute of Veterinary Clinical Science, National Taiwan University) Sh 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2023년 4월 28일부터 5월 1일까지 대만 뉴 타이페이 시티(New Taipei City) 근처 대초원 및 버팔로 방목지에서 플래깅 방법으로 참진드기를 채집하였다(그림 69-70). 그러나 채집 당시 날씨로 인해 참진드기 채집에 어려움이 있었다. 따라서 국제심포지엄 기간(2023.06.06.)에 대만 협력 연구자로부터 참진드기를 추가로 제공받았다.



그림 69. 대만에서 참진드기 채집이 이루어진 지역.



그림 70. 대만 New Taipei City 근처 초원에서 참진드기 채집조사.

(10) 베트남 호치민

베트남 호치민 지역 롱남대학교 수의학부(Faculty of Veterinary Science and Medicine, Nong Lam University) Hi 교수팀과 참진드기매개질병 연구 협약을 체결하였다. 2023년 7월 18일부터 7월 21일까지 베트남 호치민시의 동나이(Đông Nai)에 위치한 염소 목장 및 티엔장(Tiên Giang)에 위치한 소 방목지에서 참진드기 채집을 진행하였다. 베트남 동나이 지역에 위치한 염소목장은 1,000마리 이상의 염소를 사육하는 대규모 목장이었으며, 염소목장의 염소 및 목장에서 기르던 개를 보정하여 참진드기 직접 채집을 진행하였다. 티엔장(Tiên Giang)에 위치한 소 방목지에서는 플래깅(flagging)으로 참진드기 채집을 진행하였다(그림 71-72).

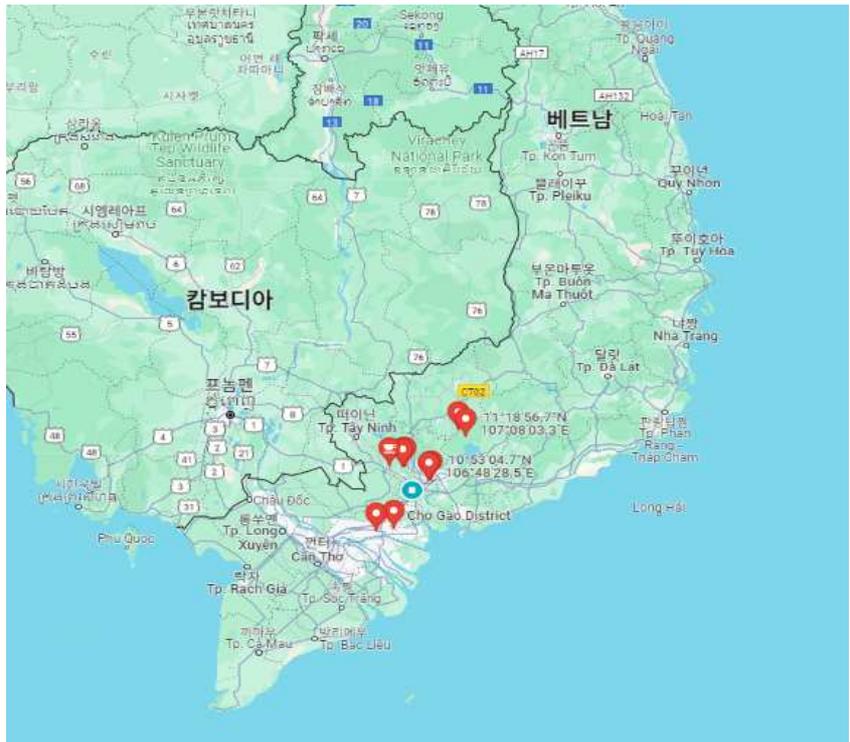


그림 71. 베트남 호치민에서 참진드기 채집조사가 이루어진 지역.

Tick No.	Animal No. of Tick	Collecting date	Host animal	Address of collecting site (District, Longitude)	Character of collecting site	Address of the house	Note
401	7	19 Aug 2022	Cattle	Route of road, BK 4, B 01, C 0000 (107°18'N, 107°08'E)	Block of rice-paddy field, near grass	Dung, B&C, B&C	
①	fw	19 July 2022	cow	Ny Hanh unity farm	wood	① cattle	
②	fw	19 July 2022	cow	"	wood	② cattle	
③	fw	19 July	cow	Duc Hanh 2	wood	③ cow	
④	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑤	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑥	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑦	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑧	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑨	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑩	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑪	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑫	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑬	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑭	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑮	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑯	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑰	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑱	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑲	fw	19 July	cow	"	"	"	
⑳	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉑	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉒	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉓	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉔	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉕	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉖	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉗	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉘	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉙	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉚	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉛	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉜	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉝	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉞	fw	19 July	cow	"	"	"	
㉟	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊱	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊲	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊳	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊴	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊵	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊶	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊷	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊸	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊹	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊺	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊻	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊼	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊽	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊾	fw	19 July	cow	"	"	"	
㊿	fw	19 July	cow	"	"	"	

Tick No.	Animal No. of Tick	Collecting date	Host animal	Address of collecting site (District, Longitude)	Character of collecting site	Address of the house	Note
402	8	19 Aug 2022	Cattle	Route of road, BK 4, B 01, C 0000 (107°18'N, 107°08'E)	Block of rice-paddy field, near grass	Dung, B&C, B&C	
4-1	fw	19 July 2022	cow	"	"	"	
4-2	fw	"	"	"	"	"	
4-3	fw	"	"	"	"	"	
4-4	fw	"	"	"	"	"	
4-5	fw	"	"	"	"	"	
4-6	fw	"	"	"	"	"	
4-7	fw	"	"	"	"	"	
4-8	fw	"	"	"	"	"	
4-9	fw	"	"	"	"	"	
4-10	fw	"	"	"	"	"	
4-11	fw	"	"	"	"	"	
4-12	fw	"	"	"	"	"	
4-13	fw	"	"	"	"	"	
4-14	fw	"	"	"	"	"	
4-15	fw	"	"	"	"	"	
4-16	fw	"	"	"	"	"	
4-17	fw	"	"	"	"	"	
4-18	fw	"	"	"	"	"	
4-19	fw	"	"	"	"	"	
4-20	fw	"	"	"	"	"	
4-21	fw	"	"	"	"	"	
4-22	fw	"	"	"	"	"	
4-23	fw	"	"	"	"	"	
4-24	fw	"	"	"	"	"	
4-25	fw	"	"	"	"	"	
4-26	fw	"	"	"	"	"	
4-27	fw	"	"	"	"	"	
4-28	fw	"	"	"	"	"	
4-29	fw	"	"	"	"	"	
4-30	fw	"	"	"	"	"	



그림 72. 베트남 호치민시의 티엔장(Tiên Giang) 지역에 위치한 소 방목지에서 플래깅으로 참진드기 채집조사.

(11) 국제심포지엄을 통한 참진드기 추가 수집

2023년 6월 7일부터 9일까지 개최된 국제심포지엄(철새이동경로상에서 신규 참진드기매개감염병의 전파)를 통해 해외에서 채집된 참진드기를 추가 확보하였다. 참진드기매개질병 연구 협약을 체결한 태국, 필리핀, 대만, 인도네시아, 파키스탄, 베트남 하노이, 베트남 호치민 교수팀에서 채집한 참진드기를 수령하여 -80°C 초저온냉동고에 보관하였다.

7) 참진드기 종 동정 및 발육단계별/성별 구분

(1) 참진드기 동정

수집된 참진드기는 냉동 상태에서 실험실로 운송되어 동정 전까지 -80°C 초저온냉동고에 보관되었다. 실체현미경을 이용한 분리 및 동정을 실시하였다. 참진드기 종 동정 진행시, 성별 및 발육 단계별 (유충, 약충, 성충)으로 우선 분류한 후, 참진드기의 형태학적 특성에 관해 기술된 논문과 도서를 활용하여 속명, 종명을 확인하였다. 이후 동정된 참진드기의 정보와 함께 시료 수령일, 기관명, 표본번호, 표본개수, 채집일, 채집시 참진드기가 흡혈하고 있던 숙주동물, 서식지 특성, GPS 정보에 관한 원자료를 기록하였다. 실험 전까지 RNA 변성 방지를 위해 모든 참진드기는 각 2ml tube에 담아 -80°C 초저온냉동고에 보관하였다.



그림 73. 국내 철새에서 가장 흔하게 발견되는 참진드기(모두 약충): 왼쪽부터 *Haemaphysalis longicornis*, *H. flava*, *H. concinna*, *Ixodes nipponensis*.

(2) 국외 채집된 참진드기 종 식별정보 수집

국외 지역에서 채집된 참진드기는 국내에서는 현재까지 미보고된 참진드기 종에 해당하는 시료가 다수 수집되었다. 정확한 참진드기 동정을 위하여 채집된 지역에서 발견되는 참진드기 우점종 및 형태학적 특징 등 정보의 필요성이 대두되었다. 따라서, 국외 지역 채집 당시, 함께 참진드기 수집조사를 진행한 협력연구자들에게 이메일을 통해 채집 지역의 참진드기에 관한 신뢰성 있는 자료를 요청하였다.

(3) 국외 수집된 참진드기 동정 자료 제작을 위한 국외 협력 연구진과의 소통

국외 협력 연구자들로부터 받은 기초 자료를 바탕으로 채집지역의 우점종 및 해당 종의 기본적인 형태학적 특징을 파악하였다. 이후, 참진드기의 종을 식별할 수 있도록 종별 형태학적 특징에 관해 기술된 도서 및 논문을 참고하여 국내 미보고 종에 대한 참진드기 동정 자료를 제작하였다. 참진드기의 종에 따라 구별되는 특성인 가시돌기(spur), 촉지(palp), 순판(scutum) 등 형태학적 특징을 중점적으로 진드기 종별 동정 자료를 제작하였다. 더불어, 실체현미경 하에서 참진드기 동정시, 동정의 중요한 요소가 되는 부분을 촬영하여 참진드기의 실물 사진을 확보하였다. 동정 요소와 실물사진에 기반하여 참진드기 동정 기초 자료를 제작 후, 오류 확인을 위해 국외 협력연구자들에게 이메일을 통해 내용 확인을 요청하였다. 국외 협력연구자들에게 회신 받은 추가 자료를 활용하여 정확한 참진드기 동정자료를 제작할 수 있도록 식별자료의 내용 보완을 진행하였다.

(4) 참진드기 종 동정 자료 제작

국내·외 지역에서 수집된 참진드기는 참진드기 분류군의 종(species) 수준에서 성별(암컷, 수컷), 발육단계(성충, 약충, 유충)까지 동정되었다. 국내 서식하는 참진드기와 더불어, 기후변화에 의한 참진드기 서식지 확대로 인해 향후 국내에서도 발견될 가능성이 있는 참진드기 종에 관해 종 동정이 이루어질 수 있도록 이번 연구에서 수집된 참진드기의 종별 동정 자료를 제작하였다. 국내에서 수집된 참진드기는 형태학적 특징에 관해 기술된 논문과 도서를 참고하여 제작하였고, 국외 지역에서 채집된 참진드기는 국외 협력연구진에게 확인받은 동정 기초 자료를 참고하여 제작되었다(그림 74). 카메라(Nikon D810, Nikon Corporation, Ayutthaya, Thailand)를 이용하여 참진드기의 암컷, 수컷의 등면, 배면을 촬영하였다. 참진드기는 변성을 방지하기 위해 70% EtOH이 첨가된 2ml tube에 담아 상온 보관하였다.

Tick Identification - Indonesia

1) *Haemaphysalis bispinosa*
Host: Cattle, Sheep, Wall, Chicken

Morphological keys	Tick species <i>Haemaphysalis bispinosa</i>
Basis capituli	Rectangular
Scutum	Irregular
Hypostome	Short and broad
Eyes	Absent
Hypostomal dentition	4+4
Palp	Wider than long
Spurs	Prominent postero-dorsal and postero-ventral spurs at palpal segments 3
Anal groove	Below anus
Festoons	Present, twice as long as broad in male
Ornations	None
Genitalia	Triangular in shape
Adanal plates	Absent
Spiracles	Sub-oval in male, subcircular in female

[Photo that I took]



female (dorsal / ventral)



Male (dorsal / ventral)

2) *Amblyomma varanense*
Host: Varanus Salvator Sumatra, Snake, Phytton

Morphological keys	Tick species <i>Amblyomma varanense</i>
Basis capituli	Rectangular
Scutum	(female) 2-3 circles (green & gold color) (male) green & gold color dorsal
Hypostomal dentition	4+4
Palp	long
Spurs	(male) coxa 3 & coxa 4 (coxa 1 & 2-) flat, no spurs
Anal groove	(male) prominent circular
Festoons	Present, n=11 / spine
Genitalia	(male) rounded (female) roughly rounded
Anal plates	(male) oval in shape (female) circular in shape, posterior margin
Spiracles	(female) slightly smaller than male, ventro
ventral surface plate	(female) only anal, genital plate

[Photo that I took]



female (dorsal / ventral)



Male (dorsal / ventral)

3) *Amblyomma gervaisi*
Host: Varanus Salvator Sumatra, Snake, Phytton, Blawak

Morphological keys	Tick species <i>Amblyomma gervaisi</i>
Basis capituli	spatulate
Scutum	(female) circles (white color), slightly bigger than <i>Amblyomma varanense</i> 's
Hypostomal dentition	(male) white color dorsal
Palp	long
Spurs	(coxa1) two broad, flat, pointed spurs external spur is slightly long than internal spur (coxa2&3) single short flat spur (coxa4) triangular pointed spur
Festoons	Present, n=11
Genitalia	(male) oval, (female) roughly rounded
Anal plates	(male) oval in shape / (female) circular in shape, posterior margin

[Photo that I took]



female (dorsal)



Male (dorsal / ventral)

Tick Identification - Pakistan

1) *Hyalomma anatolicum*
Host: Buffalo, Cattle, Cow, Goat, Rabbit (*Hyalomma* spp)

Morphological keys	Tick species <i>Hyalomma anatolicum</i>
Basis capituli	(female) porose area
Scutum	(male) posterior ridge, pair median groove, lateral groove
Hypostome	(adult) 3-3 / (nymph) 2-2
Eyes	Coxa II
Palp	Seta
Spurs	Coxa: internal spur is sharper and broader than external
Anal groove	present
Festoons	n=11, (dorsal) palpa presents in center
Genitalia	abnormal (U, V)
Adanal plates	(male) adanal plate / subanal plate
Spiracles	(female) circle (male) coxoma
Cervical groove	(male) narrow, long, midlength, deep
Lateral groove	(male) bottom of dorsal
Palma	(male) present, variation in the color (pale to dark) usually paler or semi-paler pale to dark

[Photo that I took]



female (dorsal / ventral)



male (dorsal / ventral)

[Reference] Ticks of Europe and North Africa (springer), <https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-9> ISBN: 978-3-319-63759-4

Tick Identification - Taiwan

1) *Haemaphysalis hystrix*: New Taipei City (flagging: 24°58'32.4"N 121°29'19.5"E)

Morphological keys	Tick species <i>Haemaphysalis hystrix</i>
Basis capituli	(adult) basis capituli and coxa I are overlapped
Scutum	(nymph) small, bluntly rounded coxae
Eyes	(male) absent, (female) present
Hypostomal dentition	(adult) 4+4 / (nymph) 2+2
Palp	(adult) posterodorsal spur of palpal segment II overlapping anterior quarter or more of segment II palps with slight basolateral salience (nymph) widely flared lateral salience on palpal article II, lateral edge of lateral salience on palpal article II rounded
Leg	Trochanter I
Spurs	(adult) spurs of coxa IV distinct and not ridge-like with a narrowly rounded apex (nymph) short, blunt, broad spurs on all coxae, spur on coxa IV distinctly smaller than those on other coxae, spur on coxa I short
Spiracles	Circle

[Photo that I took]

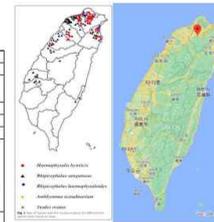


Female (dorsal / ventral)

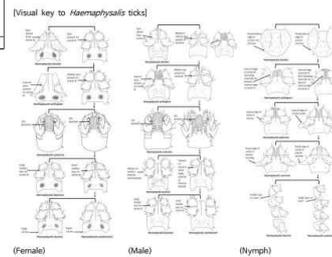
Male (dorsal)



Nymph (dorsal)



[Frequent area] [collection area]



[Reference]

1) Wuak M. L. and Iig A. (2022). The detection of three new *Haemaphysalis* ticks (Acari: Ixodidae) in Singapore and their potential threat for public health, companion animals, and wildlife. *Acarologia* 62(4): 927-940. <https://doi.org/10.24349/af21-1qfj>

그림 74. 참진드기의 종별 형태학적 특성에 관해 기술된 도서와 논문을 참고하여 제작한 국내 미보고 참진드기 종 동정 기초 자료.

(5) 실체현미경 및 주사전자현미경 사진

동아시아 지역에서 수집하는 참진드기들의 형태적 특징들을 데이터베이스화하기 위해 형태가 온전한 개체들을 대상으로 선별하여 실체현미경(stereo microscope) 및 주사전자현미경(Scanning Electron Microscopy, SEM) 사진을 촬영하였다(그림 75-76).

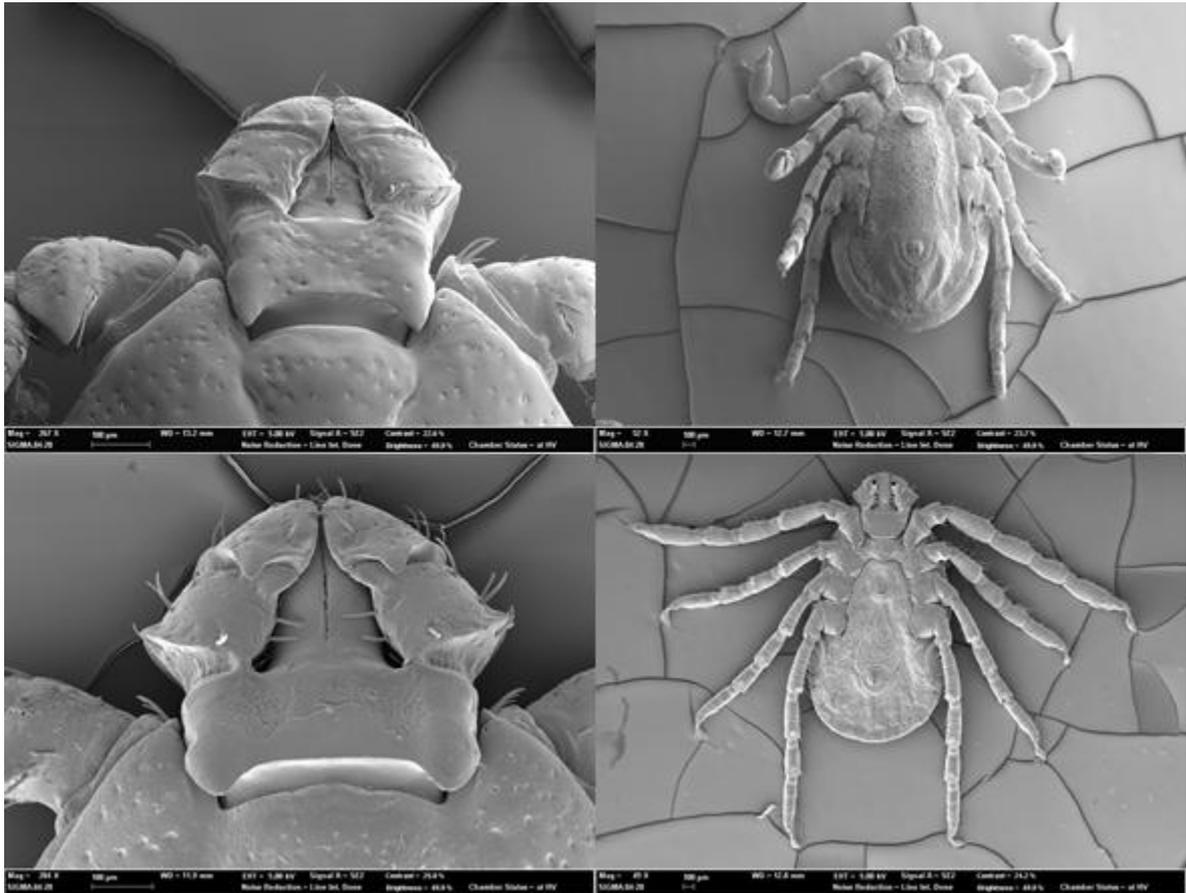


그림 75. 주사현미경으로 촬영한 *Haemaphysalis flava* 수컷 성체(위)과 *Haemaphysalis longicornis* 암컷 성체(아래)

작은소피참진드기
Haemaphysalis longicornis



Haemaphysalis longicornis FA (Dorsal)



Haemaphysalis longicornis FA (Ventral)



Haemaphysalis longicornis MA (Dorsal)



Haemaphysalis longicornis MA (Ventral)



Haemaphysalis longicornis N (Dorsal)



Haemaphysalis longicornis N (Ventral)

그림 76. 실체현미경으로 촬영한 *Haemaphysalis longicornis* 성장단계별 사진.
FA: 암컷 성충(Female Adult), MA: 수컷 성충(Male Adult), N: 약충(Nymph)

8) 효율적인 참진드기 수집을 위한 포획기술 개발

(1) 휴대용 조류 포획 트랩

가. 필요성

깔대기트랩(funnel trap)은 거대한 깔대기형 구조물에 그물망을 씌운 형태로 넓은 입구를 통해 새들이 들어오면 점점 좁아져 최종적으로 작은 상자에 새들을 가두는 조류포획 트랩을 일컫는다. 깔대기트랩은 목조구조로 제작되어 어떤 날씨 조건에서도 조사를 실시할 수 있으며, 새그물을 사용한 포획조사에 비해 포획 기술이 부족한 조사자도 손쉽게 조류를 포획할 수 있다는 장점이 있다. 그러나 전통적인 깔대기트랩은 규모가 매우 크기 때문에 이를 설치하기 위해서는 넓은 부지가 필요하며 한번 설치하면 정해진 조사지역에서 옮길 수 없다는 단점이 있다(그림 77). 따라서 본 연구에서는 가볍고 옮기기 쉬우며 조사에 미숙한 사람도 쉽게 설치할 수 있도록 휴대용 트랩을 개발하였다.



그림 77. 전통적인 조류 포획 방법인 깔대기(funnel) 트랩(왼쪽)과 새그물 설치(오른쪽).

나. 개념도 설계

본 발명품은 기존 트랩의 깔때기꼴 구조를 그대로 살리고 모양을 단순화시키되 구조를 알루미늄 폴대로 세워 규모는 축소했다. 알루미늄 폴대에는 가벼운 재질의 그물을 씌워 무게를 크게 줄였다. 그물의 끝에는 특수한 포획상자를 설치하였다. 포획상자 앞쪽에는 깔때기 구조 안으로 들어온 조류가 자연스럽게 이동할 수 있도록 유도용 발판이 있으며, 이 유도용 발판은 휴대하기 쉽게 접을 수 있는데, 설치할 때는 발판 고정쇠로 유도용 발판을 고정할 수 있다. 또한 시각적으로 상자 너머를 볼 수 있는 투명한 뚜껑이 달려있어 조류의 착각을 유도해 상자 안으로 포획될 수 있게 했으며 조류가 상자 안으로 들어오면 탈출할 수 없도록 탈출방지판이 설치되어 있다. 또한 트랩의 알루미늄 폴대는 분리할 수 있어 휴대성이 높고, 포획상자의 발판과 뚜껑은 접을 수 있어 선행 개발된 깔대기 트랩에 비해 이동이 쉽고 길이도 조정할 수 있다(그림 78-79).

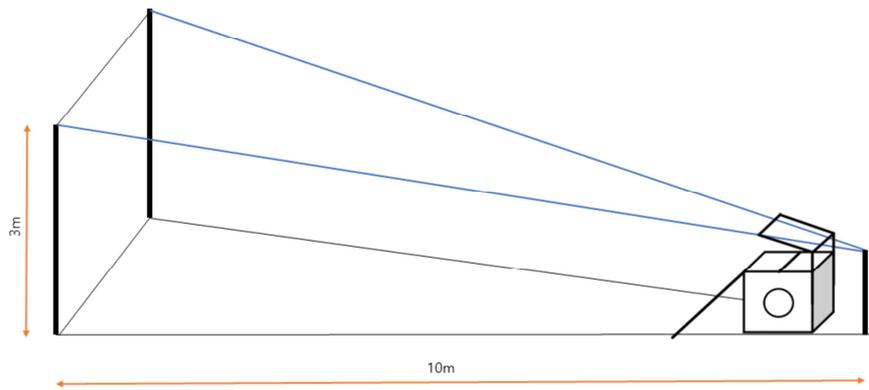
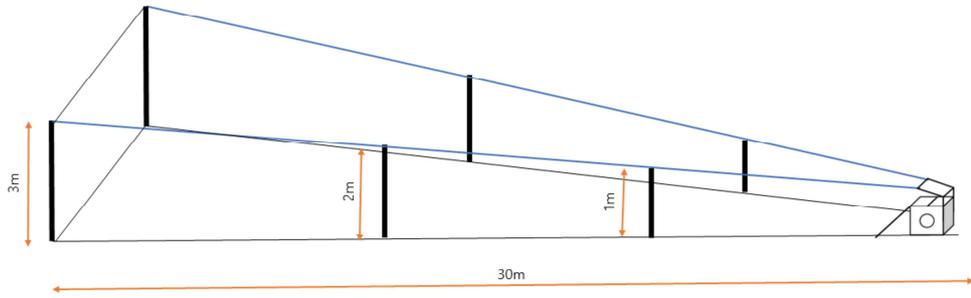


그림 78. 휴대용 깔대기트랩 모형도.

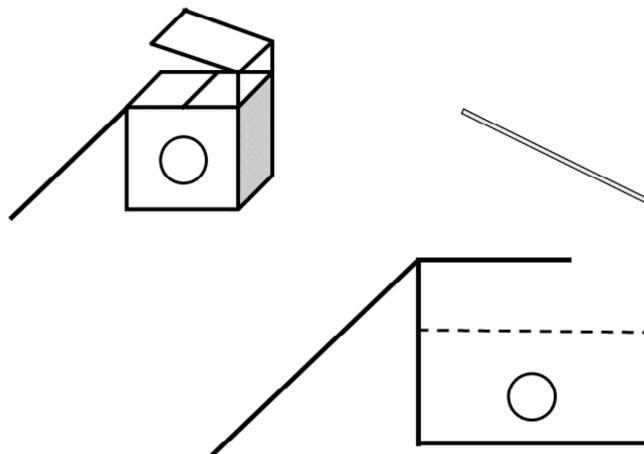


그림 79. 휴대용 포획상자 모형도.

다. 모형 제작 및 시제품 설치

여러 단계의 모형을 제작하여 구조적 안정성과 사용의 편리성을 테스트한 후 시제품을 제작하여 조사 현지에 설치하였다(그림 80-81). 현재 조류 포획조사에 사용하고 있는 새그물 근처에 설치하여 기존 그물 대비 포획의 효율성을 평가하였다.

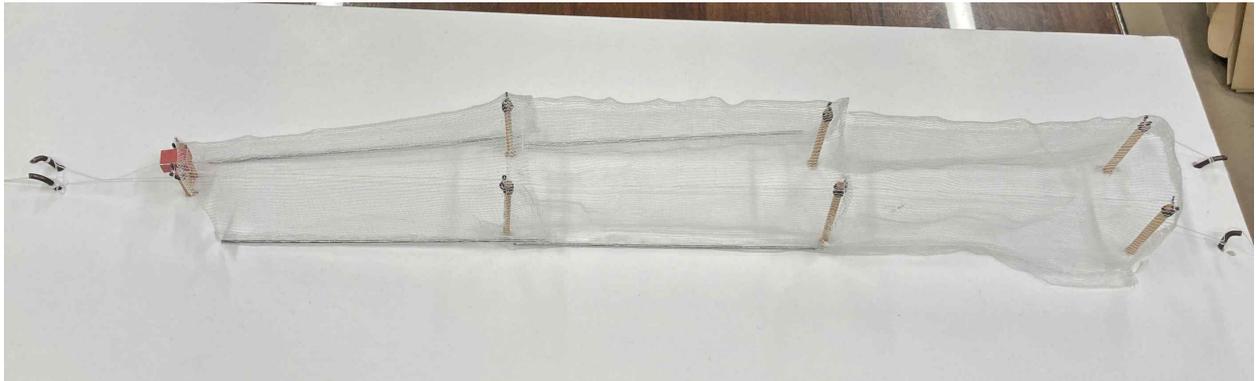


그림 80. 휴대용 깔대기트랩 모형제작.

라. 기대효과

야생동물 포획 기술은 야생동물 관리와 보전 노력의 증가로 앞으로 꾸준히 성장할 수 있는 시장이다. 기존에 사용하는 새그물 등의 방법은 숙련된 기술자가 필요하지만, 본 발명품은 특별한 기술 없이도 설치하여 소형 조류를 포획할 수 있다. 따라서 야생동물 모니터링 관련 시장에서 소형 조류의 포획에 특화된 본 발명품은 쉽게 시장에 진입할 수 있을 것으로 판단된다. 또한 본 발명품은 재료 및 구성이 단순하고 생산 후 사용자가 조립하는 형식으로 제작 비용을 저렴하게 책정할 수 있어 대량생산의 가능성이 있다. 따라서 앞으로 성장 가능성이 있는 야생동물 모니터링 시장에 포획 및 추적 물품을 전문으로 하는 기업에 기술이전이 가능할 것으로 기대된다.



그림 81. 철새이동 조사지에 설치된 시제품.

(2) 휴대용 참진드기 포획 트랩

가. 필요성

참진드기는 인수공통전염병을 전파하는 주요 벡터로 중증열성혈소판감소증후군(SFTS), 라임병 등 다양한 질병을 전염시키기 때문에, 참진드기의 분포 및 개체수를 모니터링하여 질병 확산을 예상하고 조기 대응하는 것이 중요하다. 참진드기는 생물이 배출하는 CO₂와 온도에 의해 유인되는 특성이 있으므로 CO₂를 사용하여 참진드기를 유인하는 참진드기 트랩은 효과적인 이산화탄소 배출 체계를 구축해야 한다. 기존 주머니형 참진드기 트랩은 CO₂ 배출을 위해 드라이아이스를 사용하고 있으나 드라이아이스는 소량 구매와 조사장소까지의 이송, 조사 시간까지 보관하기가 어렵고 배출속도나 양을 조절할 수 없다. 또한 주머니형 참진드기 트랩의 해체를 위해 그 자리에서 모든 참진드기를 수집해야 하는 단점이 있어, 현장조사에 과다한 시간과 인력이 소요되어 다수의 트랩을 활용하는데 한계가 있다. 그리고 열을 발생시키지 않아 중요한 요소인 온도를 이용한 유인 방법을 사용할 수 없는 한계가 있다. 따라서 종래의 기술적 문제점을 해결하고 참진드기 수집에 효율성을 높이기 위한 트랩을 개발하였다.

나. 개념도 설계 및 모형 제작

깔대기의 원리와 이점을 살리면서 경량화에 중점을 둔 이동이 쉽고 설치가 간편한 트랩을 개발하기 위해 기존 트랩에서의 문제점이었던 드라이아이스 대신 휴대용 CO₂ 카트리지와 조절밸브를 이용하여 참진드기 유인을 위한 핵심 요소인 CO₂의 배출량 및 시간을 미세하게 조절하는 동시에, 여기에 천을 씌워서 CO₂가 천을 타고 아래로 흘러내릴 수 있게 하였다(그림 82).

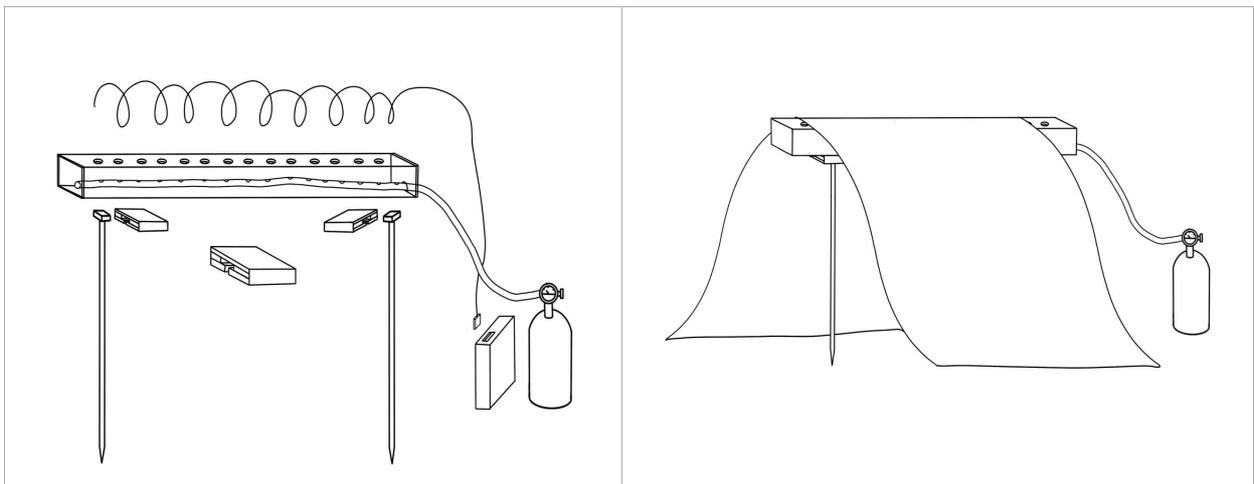


그림 82. 휴대용 참진드기 포획트랩 모형도.

다. 시제품 제작 및 설치

모형도를 바탕으로 시제품을 제작하여 철새 서식지 내 드래깅(dragging)을 실시한 지역에 설치하고 실제 진드기가 포획되는 지 확인하였다(그림 83).



그림 83. 철새 서식지 내 참진드기 dragging plot에 설치한 시제품.

라. 기대효과

참진드기들이 CO₂에 유인되어 천 위로 올라가면 일정 시간이 지난 뒤 조사자들은 현장에서 참진드기를 수집할 필요 없이 수집천만 샘플병에 담아 즉시 회수할 수 있다. 이후 트랩을 회수하여 적절한 장소로 이동할 수 있으며 수집천을 바꿔 바로 다음 조사에 활용이 가능하다. 또한 기온이 낮아지는 계절이나 야간에는 필요에 따라 사각관에 열선을 적용하여 온도에 유인되는 참진드기를 채집하는 방법을 병용할 수 있다. 따라서 본 제작품은 향후 인수공통감염병 예찰이나 참진드기 개체수 및 분포변화 확인 등의 연구 목적으로 조사지에서 보다 편리하게 사용될 수 있을 것으로 기대된다.

2-3. 질병 분석 및 병원체 분리, 확보

철새 이동경로에 따라 공중보건에 위협이 될 수 있는 참진드기 매개 질병의 원인체를 검출하기 위해, 주요 병원체의 목록을 구성하였다(표 9). 참진드기 매개 병원체로 알려진 27종의 바이러스, 9종의 세균, 3종의 주혈원충을 포함하여 총 39종 병원체의 특성과 감염병에 대한 문헌 조사를 실시하고, 이 병원체를 검출하는 것을 목표로 실험실적 분석을 진행하였다.

표 9. 참진드기 매개 질병을 유발할 수 있는 주요 병원체 목록

구분	병원체 종류
바이러스(27)	Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus, Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, tick-borne encephalitis virus, Langya virus, Jingmen tick virus, Yezo virus, Powassan virus, Colorado tick fever virus, Heartland virus, Kabuto Mountain virus, Meihua Mountain virus, Capripoxvirus, Kemerovo virus, Dugbe orthonairovirus, Papillomavirus, California encephalitis virus, Orthobunyavirus, Dabieshan virus, tick phlebovirus, Odaw virus, Bronnoya virus, enterovirus A, hepatitis B virus, human betaherpesvirus 5, human mastadenovirus C, <i>Lyssavirus rabies</i> , Bourbon virus
세균(9)	<i>Borrelia</i> spp., <i>Anaplasma</i> spp., <i>Ehrlichia</i> spp., <i>Bartonella</i> spp., <i>Rickettsia</i> spp., <i>Coxiella burnetii</i> , <i>Orientia tsutsugamushi</i> , <i>Francisella tularensis</i> , <i>Wolbachia</i> spp.
주혈원충(3)	<i>Babesia</i> spp., <i>Theileria</i> spp., <i>Cytauxzoon</i> spp.

1) 질병을 유발하는 참진드기 매개 병원체의 종류와 특성

(1) 참진드기매개감염병을 유발할 수 있는 바이러스성 병원체

- 중증열성혈소판감소증후군 바이러스(severe fever with thrombocytopenia syndrome virus, SFTSV)

중증열성혈소판감소증후군은 *Bunyavirales* 목 *Phenuiviridae* 과 *Bandavirus* 속에 속하며 지름 80~100nm의 공 모양의 단일가닥 RNA 바이러스이다. 이 바이러스는 큰 분절(L segment), 중간 분절(M segment), 그리고 작은 분절(S segment)을 포함한다(Yu et al., 2011). SFTSV의 유전형에 따라 6개의 그룹(A~F)으로 구분되며, 이중 한국에서는 유전형 B에 해당하는 바이러스가 검출되었다(Fu et al., 2016). SFTS는 2009년 중국에서 처음 확인된 이후, 한국, 일본을 포함한 아시아 지역과 파키스탄, 미국에서 발생 보고가 이어지고 있다(Kim et al., 2013; Lam et al., 2013; McMullan et al., 2012; Takahashi et al., 2014; Zohaib et al., 2020).

SFTSV 감염시 혈소판 감소증 및 백혈구 감소증을 동반한 경증 열성 질환부터 출혈열, 뇌염, 다발성 장기 부전 그리고 사망에 이르기까지 광범위한 임상 징후와 증상을 유발한다(Li et al., 2022). 주요 매개체는 작은소피참진드기(*Haemaphysalis longicornis*)이며, 이외에도 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*), 뭇뚝참진드기(*Amblyomma testudinarium*), 일본참진드기(*Ixodes nipponensis*) 또한 SFTSV를 매개하는 것으로 보고된 바 있다(Li et al., 2022). 최근에는 SFTSV 전염 경로와 철새이동경로 사이의 관계성을 바탕으로 하여 참진드기와 철새의 연관성에 주목하고 있다(Yu et al., 2011, Yun et al., 2015). 우리나라 뿐만 아니라 인접국인 중국, 일본의 다양한 철새에서 작은소피참진드기가 발견되어, 이를 토대로 철새가 SFTSV 확산의 역할을 할 수 있는 잠재적 위험성을 추정하고 있다(Yun et al., 2015). 우리나라에서는 2013년 첫 환자가 보고되었으며 2022년 기준 1,697명의 환자 발생, 317명 사망자 발생으로 누적 치명률은 18.7%이다(Choi, 2022). 2020년 이후 감염병 예방에 관한 법률 개정에 따라 제3급 법정 감염병으로 지정되어 관리되고 있다. 2019년 우리나라에서 SFTSV의 사람간 전염에서 에어로졸을 통해 전염될 가능성이 있다는 연구가 발표되었는데, 2명의 SFTS 확진 및 의심 환자를 대상으로 역학조사를 실시한 결과 이들 모두 SFTSV 감염 환자의 혈액과 접촉한 이력이 있으며, 특히 접촉 당시 발생했던 에어로졸을 통해 감염된 것으로 추정하고 있다(Moon et al., 2019). 현재까지 상용화된 백신이나 치료제는 없으며 사람과 동물 간의 전파 및 사람과 사람 사이에도 2차 감염이 확인된 만큼 개인 위생을 철저히 관리하는 것이 중요하다.

○ 진드기매개뇌염 바이러스(Tick-borne encephalitis virus, TBEV)

진드기 매개 뇌염 바이러스는 *Flaviviridae* 과 *Flavivirus* 속에 속하는 양성 가닥의 RNA 바이러스이며, 유전자 서열에 따라 유럽형(TBEV-Eur), 시베리안형(TBEV-Sib), 극동형(TBEV-FE)의 3개 아형으로 나뉜다(Bogovic and Strle, 2015). 최근 새로운 아형인 Baikalian형(TBEV-BKI)과 Himalayan형(TBEV-Him)이 보고되었다(Chiffi et al., 2023). TBEV는 주로 감염된 참진드기에 의해 감염되며, 생우유를 섭취하거나, 수혈, 장기이식을 통해서도 감염될 가능성이 있다(Chiffi et al., 2023). 주요 매개체는 참진드기로, 유럽형은 주로 *Ixodes ricinus*, 시베리안과 극동형은 주로 *Ixodes persulcatus*에 의해 전파되는 것으로 보고되었다(Kaiser, 2012). 급성 진드기매개뇌염 환자의 약 40~50%에서 후유증을 보이며, 주로 인지장애, 기억 및 집중 장애, 두통, 청력 손실 및 이명 등이 보고되었다(Kaiser, 2012). 이 질환에 대한 뚜렷한 항바이러스 치료제는 따로 존재하지 않으며 일반적으로 중환자실 입원 치료, 해열 및 진통 처치를 실시하고, 필요한 경우 항경련제를 적용한다(Bogovic and Strle, 2015). 2020년 제주도에서 진행된 보고된 연구에서 농부들을 대상으로 수집된 313개의 혈청 샘플 중 4개의 샘플에서 anti-TBEV-IgG의 양성, 2개의 샘플에서 anti-TBEV-IgM 양성 반응을 확인하였다(Yoo et al., 2020, 그림 84). 현재까지 국내에서 진드기매개뇌염 환자가 발생하지는 않았지만, 국내유입 가능성이 충분히 있는 만큼 더 많은 연구가 진행되어야 한다(Yoo et al., 2020).

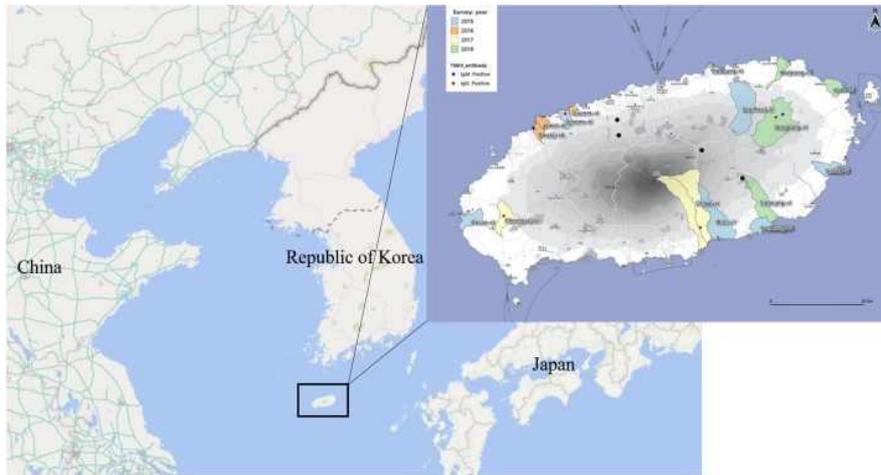


그림 84. 제주도 농가의 혈청 유병률에 따른 진드기 매개 뇌염의 지리적 분포(Yoo et al., 2020).

○ 크리미안-콩고 출혈열 바이러스(Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, CCHFV)

크리미안-콩고 출혈열 바이러스는 *Bunyaviridae* 과 *Nairovirus* 속 음성 단일가닥의 RNA 바이러스로, 아프리카, 아시아, 동유럽 및 중동 지역에서 40%에 달하는 치사율을 보이며 치명적인 출혈열을 유발할 수 있는 병원체 중 하나이다(Appannanavar and Mishra, 2011). 이 바이러스는 동물에서는 무증상 감염이 대부분이나, 사람에서는 잠복기, 출혈 전기, 출혈기, 회복기의 네 가지 단계를 거친다. 약 3-7일간의 잠복기 이후 출혈 전기가 시작되는데 이때 고열, 두통, 메스꺼움, 근육통과 함께 저혈압, 빈호흡, 흉조 및 피부발진과 같은 임상증상이 동반된다(Hoogstraal, 1979). 출혈기로 진행되면 결막 출혈, 혈종, 객혈, 간 및 비장 종대 등의 임상증상을 보이고, 회복기에는 빈맥, 청력, 기억력 손실 같은 후유증이 나타날 수 있다(Appannanavar and Mishra, 2011). *Hyalomma* 속 참진드기가 주된 매개체로 보고되어 있으며, 전 세계적으로 분포한다. *Rhipicephalus*, *Dermacentor* 및 *Ixodes* 속 참진드기 역시 CCHFV를 매개하여 전파시킬 수 있다. 이러한 참진드기 매개체를 통해 CCHFV는 수직전파 또는 수평전파되어 발달 단계 전반에 거치거나 다음 세대로 전염됨으로써 생활환을 유지한다(Appannanavar and Mishra, 2011). 이렇듯 질병 전파의 주요 매개체는 참진드기이나, CCHFV에 감염된 환자의 혈액 및 체액에 대해 경피 또는 점막 노출이 된 경우 사람 간의 전파로 이어지는 2차 감염 사례가 빈번하게 발생되고 있다. CCHFV 감염 환자에 대해 명확하게 통용되는 치료법은 없으나 리바비린을 사용시 사망률이 44% 감소한 사례 및 면역글로불린을 이용한 면역 요법의 역할 연구 사례가 보고된 바 있다(Tasdelen et al., 2009; Vassileko et al., 1990).

○ 랑야 헤니파바이러스(*Langya henipavirus*, LayV)

랑야 헤니파바이러스는 2021년 중국 산둥성 및 허난성 지역에서 새롭게 보고된 *Henipavirus* 속의 바이러스로, 35명의 감염 환자에서 발열, 기침, 피로와 같은 호흡기 증상을 유발하였다(Sanchez and Ly, 2023). 현재까지는 심각한 공중보건의 위협 요인은 아니지만, 감염된 숙주

에서 상대적으로 빠른 속도의 항원 변이성을 나타냄에 따라 잠재적 위험 요인이 될 수 있다(Kautz and Forrester, 2018). 뜻밖에는 LayV의 숙주로 추정되기는 하나, 주요 숙주인지 중간숙주인지는 명확하지 않다(Mallapaty, 2022; Zhang et al., 2022). LayV에 감염된 환자들은 임상증상이 발현 한달 이내 뜻밖과의 접촉력이 있는 농부들이었으므로 보고되었으며, 이중 백혈구 감소 또는 혈소판 감소와 같은 심각한 임상증상을 보인 환자들도 확인되었다(Zhang et al., 2022). LayV에 감염된 환자의 혈액, 소변, 침을 통해 바이러스가 전파될 수 있다고 보고된 바 있지만 현재까지 사람간 전파의 명확한 증거는 없다(Kummer and Kranz, 2022).

○ 예조 바이러스(Yezo virus, YezoV)

예조 바이러스는 2021년 일본 홋카이도에서 처음 보고된 신종 참진드기 매개 바이러스로서 홋카이도의 옛 지명인 예조(Yezo)에서 유래하였다. 2019년 홋카이도에서 참진드기에 물린 후, 발열과 다리 통증의 증상을 호소하여 내원한 환자에서 혈소판감소증 및 백혈구감소증을 확인하였다. 이후 2014년부터 참진드기에 물린 후 비슷한 증상을 보인 다른 환자들의 혈액 샘플을 조사한 결과 5개 샘플에서의 YezoV 양성을 확인하였다. 홋카이도 지역의 일본사슴, 너구리에서도 예조 바이러스의 항체를 발견하였으며, 2016년부터 2020년까지 홋카이도 초지에서 채집한 3종의 참진드기(*Haemaphysalis megaspinosa*, *Ixodes ovatus*, *Ixodes persulcatus*)에서 YezoV의 RNA를 검출하였다. YezoV의 RNA 분절은 RT-PCR을 이용하여 확인하였고, 전장유전체서열은 NGS 분석을 통해 분석되었다. 2014년부터 최소 7명의 환자가 YezoV에 감염된 것을 고려할 때, 홋카이도 지역에서는 YezoV가 이미 풍토화된 것으로 추정하고 있다(Kodama et al., 2021).

○ 징먼 진드기 바이러스(Jingmen tick virus, JMTV)

징먼 진드기 바이러스는 중국 후베이성의 참진드기에서 최초로 발견되었으며, 현재까지 사람이 감염된 사례는 보고된 바 없다(Qin et al., 2014). 이 바이러스는 4개의 분절로 구성된 양성 단일가닥의 RNA 바이러스이며, 2개의 분절(S1과 S3)은 비구조성 단백질(NSP1과 NSP2), 나머지 2개의 분절(S2과 S4)은 구조성 단백질(VP1, VP2 및 VP3)로 이루어져 있다(Yu et al., 2020). JMTV는 중국, 우간다, 브라질, 터키에 서식하는 참진드기뿐만 아니라 원숭이, 소, 설치류 등에서도 발견되었다. 특히 이 바이러스가 사람에게 감염되는 기전과, 감염 후 경증 및 중증의 임상 증상을 유발할 수 있다는 사실은 NGS 분석 및 피부 생검을 통하여 입증되었다(Huang et al., 2023). JMTV에 감염시 임상 증상으로는 발열, 두통 등 다른 급성 열성 질환과 비슷해 보이나, 참진드기에 물린 후 가렵고 통증이 있는 홍반이 나타나는 특이적 증상을 보인다(Jia et al., 2019).

○ 포와산 바이러스(Powassan virus, POWV)

포와산 바이러스는 절지동물매개바이러스(arthropod-borne virus)에 속하며, *Flaviviridae* 과의 *Flavivirus* 속으로 분류된다. 일본뇌염바이러스, 지카바이러스, 뎅기바이러스와 같은 *Flavivirus*는 일반적으로 참진드기나 모기를 매개로 전파될 수 있다(Holbrook, 2017). POWV는

주로 참진드기를 매개로 전파되며, 등빨간긴가슴잎벌레진드기(*Ixodes scapularis*)가 주요 매개체이다(Madison-Antenucci et al., 2020). POWV 감염시 일반적인 임상증상은 뇌염 또는 뇌수막염이며, 1~5주의 잠복기를 거쳐 발열, 두통, 인후통과 같은 비특이적 임상증상이 나타난다(Khan et al., 2019). 현재까지 승인된 백신이나 특이적 치료제는 없으며, 고용량의 코르티코스테로이드(corticosteroids)나 면역글로블린 제제의 적용이 권장된다(Kapoor and Zash, 2021).

○ 콜로라도 진드기 열 바이러스(Cololado tick fever virus, CTFV)

콜로라도 진드기 열 바이러스는 *Reoviridae* 과 *Coltivirus* 속 바이러스이고 선형의 이중가닥 RNA로 구성된 12개의 분절로 이루어져 있으며, 전체 염기서열의 길이는 29,174bp로 *Reoviridae* 과 유전체 중 가장 길다(Romero and Simonsen, 2008). CTFV는 북미 록키마운틴(Rocky mountain) 지역에서 흔히 발생하는 급성 열성 질환으로, 초기에는 산악열 혹은 산악진드기열로 보고되었다(Romero and Simonsen, 2008). CTFV 감염시 갑작스러운 발열, 오한, 두통, 근육통 등의 임상증상을 나타내며, 인두염, 비장 비대 등의 증상 또한 발생할 수 있다(Spruance and Bailey, 1973). 최초 발열 증상이 임상적으로 호전된 이후 다시 발열 증상이 재발하는 경우가 많다(Romero and Simonsen, 2008).

○ 하트랜드 바이러스(Heartland virus, HRTV)

하트랜드 바이러스는 *Bandavirus dabieense*(SFTSV) 등을 포함하는 *Phenuiviridae* 과 Heartland *Bandavirus* 속의 참진드기 매개 바이러스이며, 2009년 미국 미주리에서 처음 분리되었다(McMullan et al., 2012). HRTV 감염 시 발열, 두통, 피로감, 메스꺼움 같은 증상과 함께 혈소판 감소증, 백혈구 감소증이 나타나는 등 SFTS와 비슷한 임상 증상을 보인다(McMullan et al., 2012; Brault et al., 2018; Fill et al., 2017). 론스타진드기(Lone Star tick, *Amblyomma americanum*)가 주된 매개체로 알려져 있으며, 이 참진드기는 현재 미국 남동부, 북동부, 중서부 대부분에 걸쳐 분포한다(Reynolds et al., 2023).

○ 카부토 산 바이러스(Kabuto Mountain virus, KAMV)

카부토 산 바이러스는 *Uukuvirus* 속의 바이러스로, 2018년 일본의 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*)에서 처음 분리되었다(Ejiri et al., 2018). 2022년을 기준으로, 사람이나 동물 중에 감염된 사례는 없으며, 사람 및 포유류과 동물(원숭이, 멧돼지, 꽃사슴, 뉴트리아, 곰)의 혈청 샘플을 이용하여 KAMV의 중화 항체 검사 및 간접면역형광검사를 실시하였다. 이 중 사람 혈청에서는 20.8%, 멧돼지의 혈청에서는 33.9%, 꽃사슴의 혈청에서는 4.7%, 그리고 원숭이의 혈청에서는 3.4%의 항체 양성률을 확인하였다. 또한 *Haemaphysalis formosensis* 참진드기의 풀링 샘플 1건에서도 KAMV가 검출되었다(Tran et al., 2022).

○ 매화산 바이러스(Meihua Mountain virus, MHMV)

중국의 매화산에는 다양한 야생동물이 서식하며 참진드기에 대한 풍부한 자원을 제공하지

만, 참진드기 매개 병원체에 관련해서는 알려진 바가 거의 없다(Zhang et al., 2022). 2022년 중국에서 NGS 기법을 사용하여 MHMV에 대한 연구를 진행하였다. 이 연구에서 MHMV는 *Orthonairovirus*의 나이로비 면양병(Nairobi sheep disease, NSD) 유전자 그룹에 속하는 것으로 확인되었으며, 소와 멧돼지에서 채집한 흡혈 참진드기에서 검출되었다(Zhang et al., 2022).

○ 카프리폭스바이러스(Capripoxvirus, CPV)

카프리폭스바이러스는 *Poxviridae* 과 *Chordopoxvirinae* 아과의 바이러스이며 아프리카, 아시아, 그리고 동유럽에서 양, 염소, 소에 심각한 영향을 미치는 3종의 동물 바이러스(양두 바이러스, 산양두 바이러스, 럼피스킨병 바이러스)를 포함한다(Teffera and Babiuk, 2019; Babiuk et al., 2019; Kitching, 2003). 특히 양두 바이러스와 산양두 바이러스는 북아프리카, 중앙아프리카, 중동, 중앙아시아 등 세계적으로 넓게 분포한다(Tuppurainen et al., 2014). 럼피스킨병 바이러스(Lumpy skin disease virus, LSDV)는 1929년 사하라 이남 아프리카에서 처음 발병되었으며 이후 동유럽, 아시아에서 질병이 확산되었다(Woods, 1988). LSDV는 아르보 바이러스(arbovirus)가 아님에도 불구하고, 절지동물의 통해 기계적 전파가 될 수 있으며, 주로 모기, 참진드기, 집파리과에 의해 전파된다(Chihota et al., 2001; Sprygin et al., 2019). LSDV가 확산 시 효과적으로 대처하지 못한다면 동물의 이동 또는 곤충 매개체의 확산을 통해 국경을 넘어 다른 국가로 빠르게 전파될 우려가 있고, 아시아에도 LSD 발병 위험에 처한 국가가 많으며, CPV 감염이 풍토병화되는 국가가 늘어나고 있다(Teffera and Babiuk, 2019). 2023년 10월 국내 한우 농장에서 LSD의 첫 발생 보고 이후 방역 및 예찰·검사에 집중하고 있다(농림축산식품부, 2023).

○ 케메로보 바이러스(Kemerovo virus, KEMV)

케메로보 바이러스는 *Reoviridae* 과 *Orbivirus* 속 참진드기 매개 바이러스로, 1962년 서시베리아 케메로보 지역의 산림참진드기(*Ixodes persulcatus*)에서 처음 발견되었다(Dedkov et al., 2014). 이후 1964년 체코슬로바키아와 1975년 볼로그다 지역에서는 피마자 콩 참진드기(*Ixodes ricinus*)로부터 분리되었다(Libikova et al., 1965; Dedkov et al., 2014). 산림참진드기 외에도 이집트의 철새에서도 바이러스가 분리되었는데(Schmidt and Shope, 1971), 먼 거리에 걸쳐 철새가 KEMV를 분산시키는 데 관련이 있는 것으로 드러났다(Lvov et al., 2015). 이 바이러스는 열성 질환이나 무균성 수막염을 일으키며, 다발성 경화증 환자들 사이에서 높은 비율로 항체가 나타나는 경향이 있다(Lvov et al., 2015).

○ 더그비 오르소나이로바이러스(Dugbe *Orthonairovirus*, DUGV)

더그비 오르소나이로바이러스는 참진드기 매개 인수공통감염병인 아르보바이러스(arbovirus)이며 1964년 나이지리아 이바단에서 채집된 *Amblyomma variegatum* 참진드기로부터 처음 분리되었다(Causey, 1970). 이 바이러스는 CCHFV와 NSDV와 같은 고병원성 *Nairoviridae* 과 *Orthonairovirus* 속 바이러스에 속한다(Bakshi et al., 2013). 다른 *Orthonairovirus*와 마찬가지로

로 DUGV는 L, M, S 분절로 된 삼중입자 단일 음성가닥 RNA 분절로 이루어져 있다(Booth et al., 1991). 주요 매개체인 *Amblyomma variegatum*는 수직전파 및 수평전파로 감염되며(Booth et al., 1990; Cornet et al., 1987) 소에서 채취한 *Rhipicephalus* 속의 참진드기에서 DUGV가 검출된 보고가 있다(Daodu et al., 2022).

○ 인유두종 바이러스(Human papillomavirus, HPV)

인유두종 바이러스는 피부, 점막에 감염이 되며 특히 편평상피조직 친화성을 보이는 DNA 바이러스이다. 120종 이상의 인유두종 바이러스 중 약 3분의 1은 생식기계의 편평세포를 감염시키는 것으로 알려졌으며, 자궁 경부암 병변의 99% 이상이 이 바이러스의 서열을 포함하고 있다(de Villiers et al., 2004; Walboomers et al., 1999). 자궁 경부암의 70%를 차지하는 고위험 유형인 HPV 16, 18은 초기 감염을 예방할 수 있는 백신이 개발되었으며, 나머지 30%의 HPV 유형은 아직 명확하게 밝혀지지 않았다(Moody et al., 2010). 고위험의 인유두종 바이러스는 E6/E7 종양 유전자에 의해 활성화되며 모두 핵에서 국소화된 약 18KDa에서 13KDa 크기의 작은 단백질이다. 바이러스의 생애주기 중 생산단계에서의 E6/E7 유전자는 미분화 혹은 분화된 초기저세포의 발현과 세포사멸의 회피를 유도하며 이는 곧 DNA 손상의 축적과 암증을 유도하여 암으로 이어진다(Moody et al., 2010).

○ 캘리포니아 뇌염 바이러스(California encephalitis virus)

캘리포니아 뇌염 바이러스는 아르보 바이러스의 한 종으로, 1943년 캘리포니아의 컨 카운티에서 채집된 모기로부터 처음 분리된 바이러스이다(Hammon et al., 1952). 이후 미지의 바이러스에 감염된 3명의 뇌염 환자가 발생하였는데, 이들 모두 컨 카운티의 거주민들이며 이 중 한 환자에서 뇌염과 함께 발달장애가 발생하였다(Hammon and Reeves, 1952). 이 바이러스에서 중화 항체 검사를 실시하였으나, 세인트 루이스 뇌염 바이러스나 서부 말 뇌척수염 바이러스가 아닌 캘리포니아 뇌염 바이러스에 대해 항체가 생성되었음을 확인하였으며 앞서 뇌염 환자의 혈청에서도 캘리포니아 뇌염 바이러스에 대한 항체 생성이 확인되었다(CDC, 1998). 이 바이러스와 관련하여 분류된 항원 집단 중 *Bunyaviridae* 과 *Bunyavirus* 속의 16개 항원 집단에 속한 캘리포니아 항원 그룹이 존재하는데 제임스타운 캐년 바이러스, 라 크로스 바이러스, 타냐 바이러스와 같은 병원체가 속해 있다. 1996년에 보고된 환자의 사례에서, 시야가 흐릿해지거나 어지러움과 같은 임상증상이 나타나는 것으로 확인되었다(Eldridge et al., 2001).

○ 오르쏘버나바이러스(*Orthobunyavirus*)

오르쏘버나바이러스는 *Bunyaviridae* 과에 속하는 바이러스로, RNA 바이러스 중 약 350종 이상의 가장 다양한 하위 계열을 포함하는 바이러스 종이다(Elliott, 2014). 특히 음성가닥 RNA 바이러스는 Bunyamwera virus로 칭하며, 1943년 우간다 쉘리키 숲에서 황열을 조사하던 중 *Aedes* spp. 모기에서 처음 분리되었다(Rosenberg et al., 2013). 지난 30년 동안 사람에서는 자기제한적(self-limiting) 열성 질환, 뇌염 그리고 출혈열을 포함하며 반추동물에서는 캐시밸리 바이러스와 같은 기형 발생을 유발하는 바이러스도 포함하고 있다(Elliott, 2014).

○ 플레보바이러스(*Phlebovirus*)

플레보바이러스는 *Phenuiviridae* 과 바이러스이며 모래파리(sandfly), 모기 그리고 참진드기를 포함한 광범위한 절지동물을 매개로 주로 척추동물에게 감염되는 바이러스이다(Whitehouse et al., 2015). 모기 매개 질병인 *Rift valley fever phlebovirus*는 사람과 동물 모두에게 심각한 병원체이며, 모래파리 매개 바이러스인 모래파리 발열 바이러스(시칠리아 바이러스, 토스카나 바이러스)는 심각한 열성 질환과 중추신경계 감염을 일으킨다(Alkan et al., 2013). 참진드기 매개 *phlebovirus*는 4개의 계통으로 분류되며, 최소 17개의 참진드기 매개 바이러스를 포함하는 Unkuniemi group, severe fever with thrombocytopenia syndrome virus/heartland virus group, Bhanja group 그리고 Kaisodi group으로 나눌 수 있다(Lopez et al., 2020).

○ 오다바이러스(Odaw virus)

오다바이러스는 *Phenuiviridae* 과, *Phlebovirus*의 한 종으로, 그리스의 *Rhipicephalus sanguineus*로부터 처음 보고된 Antigone virus(ANTV)와 유사하다(Papa et al., 2016). 또한 아프리카의 가나와 잠비아에서는 Odaw virus 및 시부윤지 바이러스와 같은 참진드기 매개 *phlebovirus* 감염 사례가 보고되었다(Kobayashi et al., 2017; Simulundu et al., 2021). 최근 케냐에서 진행된 연구에서는 *Rhipicephalus appendiculatus* 및 *Rhipicephalus evertsi*로부터 오다 바이러스를 포함한 9종의 병원체가 계통수 분석을 통해 확인되었다(Ogola et al., 2023).

○ 브론노야바이러스(Bronnoya virus)

브론노야바이러스는 2017년 노르웨이의 *Ixodes ricinus* 참진드기에서 처음 밝혀졌으며(Pettersson et al., 2017), 2022년 크로아티아에서도 발견된 바 있다(Sameroff et al., 2022). 또한 *Ixodes scapularis* 배아 유래 세포주인 ISE6에서 전자 현미경을 통해 Bronnoya virus와 유사한 바이러스가 확인되었다(Nakao et al., 2017). Bronnoya virus나 관련 바이러스들이 *Ixodes* 속 참진드기에서만 검출된 점을 고려했을 때 척추동물이나 다른 참진드기 종을 감염시킬 수 있는지는 아직까지 밝혀지지 않았으나 추가적인 연구가 필요한 상황이다(Bratuleanu et al., 2023).

○ 엔테로바이러스 A(Enterovirus A)

엔테로바이러스는 *Picornaviridae* 과에 속하며, 유전적으로 구별되는 300종 이상의 바이러스 유형을 포함하고 있다. 계통학적 분석에 따르면 15종으로 나뉘며, 이 중 7종은 인간 병원성 바이러스인 enterovirus A-D와 rhinovirus A-C가 있다(Oberste et al., 1999; Zell, 2018). enterovirus는 단일 양성가닥의 외피 비보유 RNA 바이러스이며 약 7,500개의 염기로 구성된다(Zell, 2018). 이 바이러스는 일반적으로 수족구병과 무균성 수막염의 병원체로 알려져 있으나 이 외에도 경증의 호흡기 질환, 급성 출혈성 결막염, 뇌염, 신생아 패혈증 등 광범위한 다른 질병과도 관련이 있다(Lugo and Krogstad, 2016). 특히 수족구병은 enterovirus A에 의해 유

발되며 일반적으로 어린이에서 주로 발생한다(Puenpa et al., 2018).

○ B형 간염 바이러스(Hepatitis B virus)

B형 간염 바이러스는 *Hepadnaviridae* 과에 속하며, 약 3,200개의 염기쌍을 갖는 이중 DNA 구조의 바이러스이다(Trepo et al., 2014). 전 세계적으로 가장 흔한 만성 바이러스 감염으로 알려져 있고, 약 20억 명의 사람들이 감염되었으며, 3억 5천만 명 이상이 이 바이러스의 만성 보균자로 알려져 있다(Liaw and Chu, 2009). 급성 B형 간염의 경우 증상 발현과 예후는 연령에 따라 달라지는데, 영유아의 경우 대부분 무증상인 반면 성인의 경우 약 30% 정도에서 황달성 감염이 발생한다. 급성 B형 간염의 성인 환자 중 약 1% 미만의 확률로 전격성 감염으로 진행하며 간 이식 수술을 받지 않을 경우 약 80%의 사망률을 보인다(Trepo et al., 2014).

○ 사람 거대세포 바이러스(Human cytomegalovirus, human betaherpesvirus 5)

사람 거대세포 바이러스 혹은 인간 베타헤르페스바이러스 5형은 *Herpesviridae* 과 *Betaherpesvirinae* 아과, *Cytomegalovirus* 속 바이러스이다. 1956년에 처음 분리되었으며 감염된 세포의 비대를 유발하며 특징적인 봉입체를 유도하는 특징에서 이름이 유래되었다(Schottstedt et al., 2010). 감염 경로는 점막접촉, 비경구적으로 몸에 유입되며 뇌염, 망막염, 간염, 신장염과 같은 유기체에 관여하는 일반적인 감염으로 이어질 수 있다(Schottstedt et al., 2010). 잠복기는 4-8주 정도이며 세포 관련 바이러스 복제는 상피세포, 내피 세포와 같은 다양한 세포 유형에서 발생할 수 있다(Fishman and Rubin, 1998).

○ 사람 마스트아데노바이러스 C(Human mastadenovirus C)

사람 마스트아데노바이러스는 외피가 없는 양성 가닥의 DNA 바이러스이며 *Adenoviridae* 과 *Mastadenovirus* 속 바이러스에 속한다(Wold et al., 2013). 이 바이러스는 7개의 종, 90가지 타입으로 나뉘며, 그 중 Human mastadenovirus C는 6개의 타입인 1, 2, 5, 6, 57 그리고 89의 종으로 구분된다(Rivailler et al., 2019). 일반적으로 사람 마스트아데노바이러스 A, B, C, E는 위장관계 및 호흡기 감염 등 다양한 임상증상을 유발한다(Ghebremedhin, 2014). 최근 연구에서는 야생 기니피그의 분변 샘플 14개 중 2개의 샘플에서 아데노바이러스의 양성을 보였는데 이를 DNA 유전자분석과 계통 분석을 통하여 Human Mastadenovirus C로 입증함으로써 야생동물이 사람 마스트아데노바이러스의 저장소로서의 역할을 할 가능성을 시사하였다(Sita et al., 2022).

○ 광견병 바이러스(Rabies lyssavirus)

광견병 바이러스 또는 광견병 리사바이러스는 음성가닥 RNA 바이러스로 *Rhabdoviridae* 과 *Lyssavirus* 속의 치명적인 인수공통감염병을 유발할 수 있으며 사람과 개, 고양이, 소, 여우, 자칼과 같은 온혈 척추동물들에서 급성 바이러스성 뇌척수염을 유발한다(Kainga et al., 2023). 다양한 동물이 광견병 바이러스에 감염되거나 전파할 수 있으나, 자칼과 박쥐는 바이러스의 저장소로서의 역할을 한다(Lembo et al., 2010). 광견병 바이러스는 여러 요인에 따라

다양한 임상 증상을 보이는데, 박쥐에 감염시 비자발성 경련이 흔한 증상이며, 개에 감염시 공수병 및 비행공포증이 발생한다(Udow et al., 2013). 대표적으로 뇌염성 광견병과 마비성 광견병으로 구분되며, 마비성 광견병은 질병 초기에 현저한 근육 약화를 보이지만 환자의 약 80%에서 흔하게 나타나는 뇌염성 광견병의 경우 다발성 장기 부전 및 혼수상태, 사망으로 진행된다(Jackson, 2016; Jackson 2020).

○ 버번 바이러스(Bourbon virus)

버번 바이러스는 2014년 미국 캔자스주 버번 지역에서 심한 열병을 앓은 중년의 남성 환자로부터 처음 분리되었다(Kosoy et al., 2015). 이후 오클라호마, 미주리에서 버번 바이러스가 사람에게 감염된 여러 사례가 보고되었다(Roe et al., 2023). 이 바이러스는 계통학적 분석을 통하여 *Orthomyxoviridae* 과 *Thogotovirus* 속 바이러스인 오즈 바이러스(Oz virus), 도리 바이러스(Dhori virus) 및 배트켄 바이러스(Batken virus)와 매우 유사한 바이러스로 밝혀졌으며, 6개의 분절로 구성된 음성 가닥의 RNA 바이러스이다(Kosoy et al., 2015; Lambert et al., 2015; Ejiri et al., 2018). 감염 초기에는 발열, 피로감, 발진, 두통과 같은 증상을 보이며, 이후 혈소판감소증후군, 백혈구 감소 증후군, 림프구 감소증이 나타나는 것으로 밝혀졌다(Kosoy et al., 2015; Bricker et al., 2019).

○ 다비산 바이러스(Dabieshan virus)

다비산 바이러스는 2015년 중국 후베이 지역의 작은소피참진드기로부터 처음 발견된 바이러스로 참진드기 매개 플레보 바이러스의 일종이다(Li et al., 2015). 이 바이러스는 Yongjia 진드기 바이러스 그리고 Uukuniemi 바이러스와 같은 참진드기매개바이러스와 밀접한 진화적 관련이 있는 것으로 보고되었다(Shao et al., 2020; Zhu et al., 2020). 주로 산동성과 저장성에 넓게 분포하며, 특히 저장성에는 이 바이러스를 매개하는 참진드기가 더 많이 분포하는 것으로 알려졌으나 이들의 뉴클레오타이드 서열의 차이는 없는 것으로 밝혀졌다(Zhu et al., 2020). 하지만 아직까지 다비산 바이러스의 절지동물 매개 생태, 숙주 범위 및 동물 병원성에 대해서 알려진 바는 많지 않다(Shao et al., 2021). 최근 중국에서 qRT-PCR을 통해 22마리의 양 중 3마리의 혈청에서 13.6%, 양에서 채집된 참진드기 170마리 중 14마리에서 8.2%의 양성률을 확인하였다(Shao et al., 2021).

(2) 참진드기매개감염병을 유발할 수 있는 세균성 병원체

○ 보렐리아(*Borrelia* spp.)

보렐리아는 북반구에서 가장 중요한 진드기 매개 질병인 라임병(Lyme disease)과 재귀열을 포함한 주요 매개 질환의 원인균이다(Binetruy et al., 2020). 이 세균은 적어도 35종 이상의 검증된 spirochetes에서 두 개의 그룹으로 나눌 수 있는데, 첫 번째 그룹은 참진드기에 의해 전염되며 라임병 또는 라임 보렐리아 증과 관련된 *Borrelia burgdorferi* 복합체 내에 보렐리아 종을 포함한다. 두 번째 그룹은 물렁진드기에 의해 전염되며 재귀열과 관련이 있다. 보렐리아

속은 원핵생물들 사이에서 독특한 유전적 및 표현적 특징을 가지고 있는데 이들은 자연에서 진드기와 다양한 범위의 야생동물 및 조류와 같은 숙주를 동반하여 enzootic cycles에 존재하고 있다(Wang, 2015).

○ 아나플라즈마(*Anaplasma* spp.)

아나플라즈마는 편성세포기생물(Obligate intracellular parasite)인 그람 음성균으로 포유류의 혈액세포에 존재하며, 주요 매개체는 참진드기로 특히 *Ixodes*, *Dermacentor*, *Rhipicephalus* 그리고 *Amblyomma*가 있다(Rymaszewska and Grenda, 2008). 사람에게 감염시 무증상부터 가벼운 독감 증상, 패혈증, 급성 호흡곤란까지 다양한 임상증상을 보일 수 있으며, 심한 경우 사망에 이를 수 있다(Dumler et al., 2007). 일반적으로 발열, 오한, 근육통, 혈소판 감소증을 보이며, 미국의 사례에서는 약 36%가 생명을 위협하는 합병증을 동반하는 것으로 보고되었다(Schotthoefler et al., 2017). 국내의 경우, *Anaplasma phagocytophilum*은 국내의 우점종인 작은소피참진드기에 의해 발견되었으며(Kim et al., 2003), 한국에서의 사람 아나플라즈마증 출현 가능성에 대한 우려를 증가시키고 있다. 과거 연구에 따르면 2002년 간접면역형광법을 통해 급성 열성 환자의 혈청 샘플에서 1.8%의 *A. phagocytophilum* 항체 양성률을 확인한 바 있다(Heo et al., 2002). 또한 감염이 의심되는 환자에 대해 2015년 PCR 검사를 통해 2.54% 양성률, 2017년 8.38%의 양성률을 보이며 2배 이상 증가한 것을 확인할 수 있었다(Lee et al., 2018).

○ 에를리키아(*Ehrlichia* spp.)

에를리키아는 편성세포내 그람음성균으로 백혈구를 감염시키고, 사람에서 열성 질환을 유발하는 에를리키아증의 원인균이다(Dahlgren et al., 2011; Dumler et al., 2007). 에를리키아에 감염시 아나플라즈마증과 유사한 증상을 보이는데, 환자의 약 50% 이상이 발열, 두통, 오한, 근육통의 증상을 가장 흔하게 보이고(Chapman et al., 2006), 구토, 설사, 기침, 관절통의 증상은 드물게 보고되었으며, 어린이의 약 60%, 성인의 약 30%에서 발진을 보인다(CDC, 2013). 특히 고령자와 HIV 감염자 및 면역억제 치료를 받는 환자를 포함한 면역저하의 환자의 경우 고위험 대상자이다(Dumler et al., 2007). 사람 에를리키아증은 단핵구를 감염시키는 *E. chaffeensis*와 과립구를 감염시키는 *E. ewingii*가 있으며 이들의 주요 매개체는 *Amblyomma americanum* 그리고 *Dermacentor variabilis* 참진드기로 알려져 있다(Johnson et al., 2015).

○ 바르토넬라(*Bartonella* spp.)

바르토넬라는 포유류 숙주를 감염시키고, 흡혈 절지동물 매개체를 통해 전파되는 그람 음성균으로 통성세포내 병원균이다. 사람과 동물의 바르토넬라 감염은 종종 적혈구 내 균혈증을 특징으로 한다. 참호열과 오로야열을 유발하는 사람 특이 병원균인 *Bartonella quintana*와 *Bartonella bacilliformis*를 포함하여, 최소 20종이 특정 포유류 숙주에서 숙주 특이적 적혈구 내 감염을 일으키는 것으로 알려져 있다(Regier et al., 2016). 최소 13종의 바르토넬라가 사람에서 병원성을 일으키는 것으로 확인되었으며, 3개의 종인 *B. bacilliformis*, *B. quintana* 그

리고 *B. henselae*가 사람에서 임상적으로 관련된 대부분을 차지한다(Kaiser et al., 2011). 바르토넬라 감염시 병원균 보균자 숙주에서 만성 또는 무증상으로 나타나며, 적혈구, 내피세포, 대식세포 및 인간의 줄기세포까지 감염시키는 것으로 보고되었다(Regier et al., 2016).

○ 리케치아(*Rickettsia* spp.)

리케치아는 통상세포내 그람 음성균이며, 자연에서 포유동물 숙주와 조혈 절지동물의 사이를 순환하는 생애 주기를 갖는다(Kim, 2022). 리케치아 중 *Rickettsia prowazekii*에 의해 유발되는 전염병 티푸스와 같은 일부 리케치아 질병은 가장 오래된 전염병 중 하나이다(Kuo et al., 2015). 다른 질병으로는 각각 *R. japonica*, *R. honei*, *R. africae*에 의해 유발되는 일본 홍반열, 플린더스 섬 홍반열 및 아프리카 진드기 물림 열이 있다(Raoult and Roux, 1997). 리케치아는 주로 진드기, 벼룩, 이를 포함한 절지동물을 매개로 인간에게 전파되며 이러한 절지동물은 병원균 보균자로서의 역할도 한다(Kuo et al., 2015).

○ 콕시엘라 버네티(*Coxiella burnetii*)

콕시엘라 버네티는 그람 음성의 구간균 세균성 병원체로 잠재적 생물테러제로 간주되며, 전 세계적으로 발생하는 급성 인수공통 열병인 큐열(Q fever)을 유발할 수 있고, 1935년 호주 퀸즐랜드에서 처음 발견되었다(Derrick 1983; Dahlgren et al., 2015; Raoult et al., 2005). *Coxiella burnetii*에 감염된 동물의 배설물, 태반, 농장 차량의 먼지로부터 에어로졸을 흡입하는 것을 전염 경로로 추정하고 있다. 평균 잠복기는 20일이며, 흡입된 *Coxiella burnetii*는 폐에서 증식하여 균혈증이 발생시키고 전신에 증상이 나타난다(Patil and Regunath, 2022). 숙주의 면역반응에 따라 일차 감염에서는 증상이 있거나 무증상일 수 있는데, 이 경우 숙주 특성에 따라 심내막염으로 진행될 수 있으며, 임신부나 어린이의 경우 무증상으로 남아 있을 가능성이 더 높다(Maurin et al., 1999). 나이와 면역 상태에 따라 임상증상이 다르게 나타날 수 있으나 급성 Q열이 대부분이지만 만성 Q열은 약 5%의 미만의 만성적이고, 국소적인 감염으로 나타난다(Patil and Regunath, 2022). 급성 Q열의 치료를 위해 독시사이클린을 경구 투여하며, 이에 내성이 있을 경우 미노사이클린, 설파메톡사졸 또는 트리메토프림으로 대체하고 있다(Cross et al., 2016; Anderson et al., 2013).

○ 오리엔티아 쯤쯤가무시(*Orientia tsutsugamushi*)

오리엔티아 쯤쯤가무시는 편성세포세균으로, 쯤쯤가무시병이라고 불리는 털진드기병(scrub typhus)의 주 발생균으로 알려져 있으며, 리케치아 과에서 별도의 속으로 분류된다(Philip 1948; Tamura et al., 1995). 털진드기병의 분포는 삼각형 모양의 분포도를 띄며 일본 북부와 러시아 극동에서 남쪽의 호주 북부 그리고 서쪽의 파키스탄과 아프가니스탄까지 확장된다(Oaks et al., 1983, 그림 85). 사람으로의 감염은 주로 털진드기와 진드기 유충에게 물린 상처를 통해 감염이 되기 때문에, 털진드기의 출현 시기에 의해 계절적 발생이 결정된다(Seong et al., 2001). 특히 *Leptotrombidium pallidum* 털진드기는 한국에서의 우점종으로 주로 9월에 나타나 10~11월에 최대 정점을 이룬다(Ree et al., 1991; Chang 1995). 증상은 주로 5일

에서 20일의 잠복기를 걸친 후 두통, 발열, 발진 및 국소 림프절 종대가 나타나는데(Watt and Strickman, 1994), 특히 발열의 경우 급격하게 상승하였다가 3~4일 차에 최고조에 달하며 치료가 진행되지 않을 시 3주 이상 지속된다(Seong et al., 2001).



그림 85. 쯔쯔가무시병의 지리적 분포(Oaks et al., 1983).

○ 프란시셀라 툴라렌시스(*Francisella tularensis*)

프란시셀라 툴라렌시스는 비운동성, 캡슐화된 그람 음성 구간균이며, 인간과 많은 동물의 통성세포내 병원균이며, *Francisella tularensis*, *Francisella novicida*, 그리고 *Francisella philomiragia*의 3개의 종으로 나뉜다. 이 중 *F. tularensis*는 잠재적으로 몸을 쇠약하게 만드는 열성 질환인 야토병을 유발할 수 있다(Celli and Zahrt, 2013). *F. tularensis*의 감염은 주로 감염된 야생동물 특히 설치류 및 산토끼에 노출된 이력이 있거나, 절지동물 매개 또는 에어로졸화된 유기체를 통해서도 전염될 수 있다. 전파 경로에 관계없이 *F. tularensis*는 초기 감염 부위에서 폐로 전이되면서 호흡기 야토증을 유발할 수 있다(Celli and Zahrt, 2013). 또한 적은 양의 감염이더라도 다양한 경로를 통해 인간에게 전파되어 생명을 위협할 수 있기 때문에, 미국 CDC에서는 무기화 및 의도적으로 환경에 방출될 잠재적인 가능성을 고려하여 생물 무기위험도 카테고리에서 제일 파급력이 큰 '카테고리 A'로 지정하였다(Celli and Zahrt, 2013).

○ 울바키아(*Wolbachia* spp.)

울바키아는 곤충 종의 절반 이상과 선충, 갑각류 및 거미류를 감염시키는 세포내공생 그람 음성 세균이다(Weinert et al., 2015; Kaur et al., 2021). 이 세균은 암컷의 생식선을 통해 수직 전파 뿐만 아니라 수평전파까지 가능하며, 이러한 세포내공생은 숙주 번식을 조작하여 감염된 암컷을 비감염 암컷보다 더 선호하게 하여 비감염 개체군의 확산을 더욱 촉진하는 특징

이 있다(Werren et al., 2008). 특히 모기와 같이 공중보건학적으로 중요한 곤충에서 생식 내 공생이 숙주 개체군 역학 및 진화에 미치는 영향을 탐구하는 연구가 적극적으로 진행되고 있는 상황이다(Atyame et al., 2011; Kajtoch et al., 2018). 모기 번식과 아르보바이러스 전파에 있어, 개체군 대체 및 억제를 위해 인위적으로 울바키아에 감염된 모기를 이용하는 연구도 진행되고 있다(Ding et al., 2020).

(3) 참진드기매개감염병을 유발할 수 있는 주혈원충성 병원체

○ 바베시아(*Babesia* spp.)

바베시아는 적혈구 내 기생하는 주혈원충에 의해 발생하는 주요 참진드기매개질환이며, 현재까지 약 100종이 넘는 종이 보고되었다(Levine 1988; Homer et al., 2000). 대부분 가축이나 국내 반려동물에서 발견되며, 이중 일부 종만 사람에게 감염을 일으킬 수 있다(Vannier et al., 2008). 사람 바베시아 감염증의 사례는 1957년 크로아티아의 비장 절제술을 한 농부에게서 처음으로 확인되었다(Skrabalo et al., 1957). 이후 여러 대륙에서 인수공통 바베시아 종이 보고되었는데 북미에서는 *Babesia microti*가 가장 많이 보고되었으며, 대부분의 사례는 미국 북동부와 중서부 상부 지역에서 발생되었다(Herwaldt et al., 2012). 주요 매개 참진드기는 북미, 유럽, 아시아에 분포하고 있는 *Ixodes scapularis*, *Ixodes ricinus*, 그리고 *Ixodes persulcatus* 참진드기이다(Vannier et al., 2012). 건강한 사람에서는 보통 무증상 혹은 발열, 오한, 두통, 피로, 식욕감퇴 등 독감과 유사한 증상이 발생하지만, 고령이거나 비장 절제 수술 이력이 있는 사람, 그리고 면역력이 손상된 사람의 경우 용혈성빈혈, 비장 종대, 간종대 그리고 사망까지 이를 수 있는 심각한 증상이 발현된다(Young et al., 2019). 경증에서 중증도의 바베시아증 환자에게는 아토바쿠온과 아지트로마이신의 병용 투여, 중증의 경우 클린다마이신과 퀴닌의 병용 투여로 치료를 수행하고 있다(Krause et al., 2000; Wormser et al., 2006). 현재까지 상용화된 백신이 없기 때문에 보호복, 진드기 기피제와 같이 개인위생을 철저히 하는 방법이 권장된다(Homer et al., 2000).

○ 타일레리아(*Theileria* spp.)

타일레리아는 *Piroplasmida* 목 *Theileriidae* 과에 속하며 타일레리아증을 유발하는 백혈구에 감염하는 주혈기생성 원생생물이다. 현재까지 인수공통감염병을 유발하는 타일레리아 종은 확인되지 않았다(Remesar et al., 2021). 타일레리아는 분열체(schizont)의 병원성과 비병원성의 두 그룹으로 분류할 수 있다(Mans et al., 2015). 첫 번째 비병원성 원충은 숙주의 백혈구를 감염시키는 원충과 함께 감염된 세포를 무한대로 증식시키는 특성을 가지고 있지만, 두 번째 그룹인 병원성 원충은 비교적 서서히 증식하지만 질병 발생 및 경제적 손실을 초래한다. 병원성 원충에 속하는 그룹과 경제 동물 건강과 직결된 종은 *Theileria annulata*, *T. lestoquardi*, *T. parva* 그리고 *T. taurotragi* 가 있다(Sivakumar et al., 2014; Moraga-Fernández et al., 2023).

○ 사이토준(*Cytauxzoon* spp.)

사이토준증(Cytauzoonosis)은 *Cytauxzoon* 속 주혈기생성 원충에 의해 유발되는 참진드기 매개 고양이 질병이다(Lloret et al., 2015). 감염시 보통 단시간 내로 빠르게 병증을 보이며, 결국 사망에 이른다(Alho et al., 2016). *Cytauxzoon felis*는 집고양이, 사자 및 호랑이에서 감염을 일으킬 수 있는 다양한 균주 또는 유전자형을 가진 사이토준증의 주요 병원체이다(Brown et al., 2009; Shock et al., 2012). 다양한 고양이과 동물에서 *Cytauxzoon* 종이 확인되고 있는데, 몽골의 마눌(manul, *Otocolobus manul*)에서 밀접하게 관련된 이형 열원충류가 발견되고, 이후 새로운 종인 *Cytauxzoon manul*로 보고된 바 있다(Ketz-Riley et al., 2003; Reichard et al., 2005). 이 외에도 *C. manul*는 아프리카 사자, 집고양이, 이베리아 스라소니, 유라시아 스라소니 및 야생 고양이에서도 발견되었다(Gallusová et al., 2016).

2) NGS를 이용한 병원체 분석

국내·외의 동물로부터 채집한 참진드기로부터 병원체의 핵산을 추출하고, NGS 분석을 위한 라이브러리를 제작한 후, 대량의 서열정보를 확인하고, 이를 National Center for Biotechnology Information(NCBI)와 Qiime2의 데이터베이스에 등록된 바이러스, 세균, 주혈원충의 유전 서열과 비교하여 각 병원체의 종을 분류하는 순서로 분석을 진행하였다(그림 86).

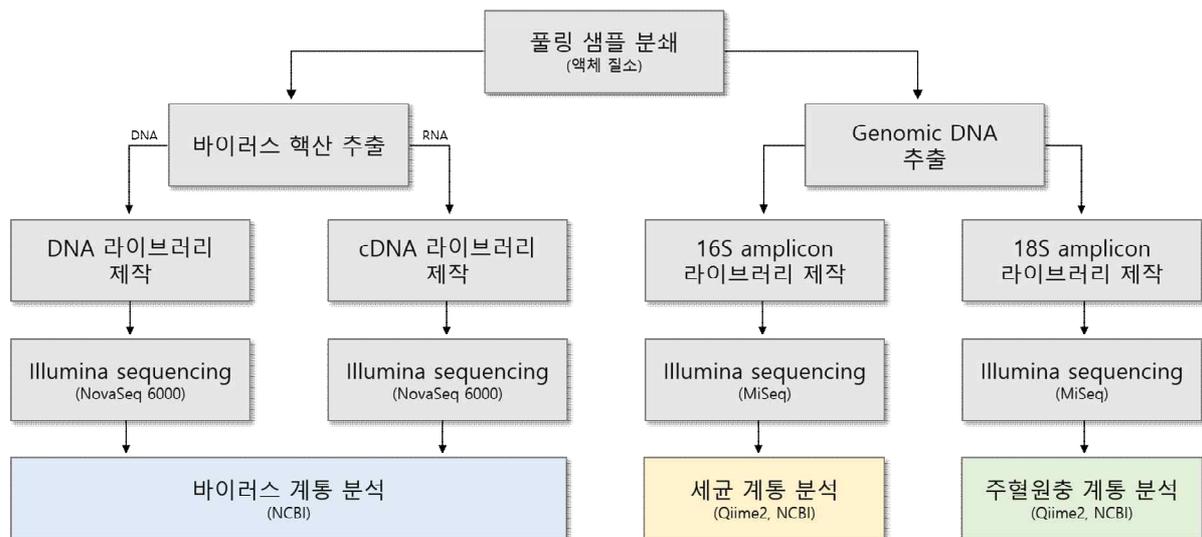


그림 86. 참진드기 폴링 샘플을 이용하여 바이러스, 세균, 주혈원충의 분석을 위한 실험과정의 모식도.

이를 위해 NGS 분석을 진행할 참진드기 폴링 샘플을 지역과 동물 종 구분(포유류, 조류 및 파충류)에 따라 구성하였다. 폴링 샘플 대상으로 선별된 각각의 참진드기는 냉동 상태에서 정중면을 따라 무균적으로 이등분한 뒤, 절반의 참진드기를 모아 각각의 폴링 샘플을 구성하고, 각각의 폴링 샘플은 액체질소와 막자사발을 이용하여, 냉동 상태에서 분쇄하였다.

바이러스 분석을 위해, 각각의 풀링 샘플에 대해 QIAamp MinElute Virus Spin kit(QIAGEN)을 이용하여 바이러스 핵산을 추출하고, 이어서 QIAseq FX Single Cell DNA 라이브러리 Kit(QIAGEN)을 사용하여 바이러스(DNA) 분석용 라이브러리를 제작하였다. 바이러스(RNA) 분석용 라이브러리의 제작을 위해 먼저 QIAseq FastSelect rRNA HMR Kits(QIAGEN)를 사용하여 rRNA를 제거 후 QIAseq FX Single Cell RNA 라이브러리 Kit(QIAGEN)을 사용하여 라이브러리를 제작하였다. 이후 NovaSeq 6000 Illumina(Foster city, California) 플랫폼을 활용하여 150bp(paired end) 기준으로, 샘플당 3Gb 목표로 데이터 생산을 진행하였다.

바이러스의 계통 분석을 위해 Trim_galore(v0.6.10)을 이용하여 Q30 미만의 서열과 Adapter 서열을 제거하였고, 최종적으로 사용할 read 데이터를 확보하였다. SPAdes genome assembler(v3.15.1)를 사용하여, DNA에 대해서는 “—metaviral” 파이프라인을 적용하였고, RNA에 대해서는 “—rnaviral” 파이프라인을 적용하여 분석을 실시하였으며, 그 결과 조합된 contig를 확보하였다(Antipov et al., 2020). 이 중 길이 100bp 이상 contig를 대상으로 미국 NCBI의 NT virus 데이터베이스(2023년 5월 기준)에 대해 BLASTN(v2.13.0+)을 사용하여 서열이 유사한 바이러스를 탐색하였다. 이때 e-value는 e^{-10} 이하, Rank=1 조건을 적용하여 결과를 추출하고 계통을 분석하였다. 추가로는 NCBI의 NR 데이터베이스(2023년 8월 기준)에 대해 BLASTX(v2.13.0+)를 사용하여 서열이 유사한 바이러스를 탐색하였고, 이때 e-value는 e^{-5} 이하, Rank=1 조건을 적용하여 결과를 추출하고 계통을 분석하였다.

확보한 바이러스의 contig 중 200bp 이상의 길이를 나타내면서 동시에 참고서열에 대한 coverage가 90% 이상인 contig를 대상으로 계통 분석, 유전자서열 분석을 진행하였다. 각 contig의 read 수 산정을 위해, BWA(v0.7.17)를 사용하였다. 먼저 이 연구의 설정 기준에 따라 추출된 각 바이러스의 contig 서열을 참고서열화 한 후 이에 대해 read를 맵핑하는 방식으로 진행하였다. 그 결과는 samtools 및 In-house Python script를 사용하여 엑셀 형태의 결과를 확보하였다. 이후 유전자 염기서열 지도(Coverage map)의 작성을 위해 gsMapper(v2.8)을 이용하였다. 검출된 바이러스 contig를 구성하는 read를 모아, 추출된 참고서열에 대조하여 맵핑하는 방식으로 진행하였고, 이때의 조건으로는 기본값인 identity 90% 이상을 적용하였으며, 그 결과는 In-house Python script를 사용하여 작성하였다. 참고서열 대비 contig의 coverage가 0.5% 미만(반올림시 0%)으로 분석된 경우에는 지도 작성을 미 실시하였다.

세균과 주혈원충의 분석을 위해 QIAGEN사의 DNeasy Blood & Tissue kit을 사용하여 각각의 풀링 샘플별 genomic DNA를 추출하고 농도를 확인하였다. 추출된 핵산을 대상으로 Roche사의 KAPA HiFi Hotstart ready Mix와 Illumina사의 NexteraXT Index를 사용한 overhang PCR을 실시하여 라이브러리를 제작하고, 각 라이브러리의 사이즈와 농도는 TapeStation HS D5000 ScreenTape 시스템과 PicoGreen을 이용하여 확인하였다. 이후 Illumina Miseq 플랫폼에서, 300bp(paired end) 기준으로 샘플당 5만 read 이상의 데이터 생산을 목표로 시퀀싱을 진행하였다. 세균과 주혈원충의 계통 분석을 위해 Trim_galore(v0.6.10)을 이용하여 Q30 미만의 서열과 Adapter 서열을 제거하였고, 최종적으로 사용할 read 데이터를 확보하였다. 세균의 종 분석을 위해 Qiime 2 프로그램의 Silva 데이터베이스, NCBI의 표준 NT 데이터베이스 및 16S rRNA 데이터베이스에 대해 BLASTN(v2.13.0+)을 사용하여 분석을

진행하였다. 주혈원충의 종 분석을 위해서는 Qiime 2 프로그램의 Silva 데이터베이스, NCBI의 표준 NT 데이터베이스에 대해 BLASTN(v2.13.0+)을 사용하여 계통 분석을 진행하였다. BLAST 분석에서 e-value는 e^{-10} 이하, Rank=1 조건을 적용하여 결과를 추출하였으며, Qiime 2의 Silva 데이터베이스보다 우선 순위로 두어 결과를 분석하였다. 확보한 각각의 read에서 진드기 매개 질병을 유발하는 것으로 보고된 세균 및 주혈원충 외의 참고서열에 해당하는 정보는 제외하고, 종(species) 수준까지 확인되는 read를 추출하여 전체 결과를 분석하였다.

3) PCR을 통한 질병 분석

(1) 질병분석을 위한 시료 추출방법 결정

가. 흡혈 및 비흡혈 참진드기로부터 RNA 추출 농도 확인 및 PCR 조건 설정을 위한 실험

흡혈 및 비흡혈 참진드기를 이용한 PCR 분석시 최적의 RNA 농도 설정이 중요하다. 따라서, 흡혈 참진드기 중량에 따라 사이즈를 분류하였다. 중량이 0.200g이상인 흡혈 성충 참진드기를 large(L), 중량이 0.200g 미만, 0.002g 이하인 흡혈 성충 참진드기를 medium(M), 중량이 0.002g 미만인 흡혈 성충 참진드기 및 비흡혈 성충 참진드기를 small(S)로 분류하였다. Patho Gene-spin™ DNA/RNA extraction kit (iNtRON, ROK)을 사용하여 참진드기에서 RNA 추출 후, 분광광도계(NanoPhotometer, IMPLLEN, Westlake Village, CA)를 이용하여 측정된 RNA 농도 측정값과 전기영동 결과 확인된 RNA 밴드 크기를 비교하여 RNA 농도 측정값의 신뢰성을 확인하였다. 추출된 RNA에 대해 100bp DNA marker(GENETBIO, ROK) 및 1.2% 한천배지(agarose gel)와 0.5X TAE buffer를 이용하여 30분간 전기영동을 수행하였다. 참진드기 사이즈에 따라 전처리 방법을 달리하고, 각 참진드기에서 추출한 RNA에 대해 분광광도계를 이용한 농도 측정 실험을 진행하여, 참진드기 무게에 따라 PCR 분석에 사용하는 평균 RNA 농도 및 전처리 방법을 결정하였다(그림 87).

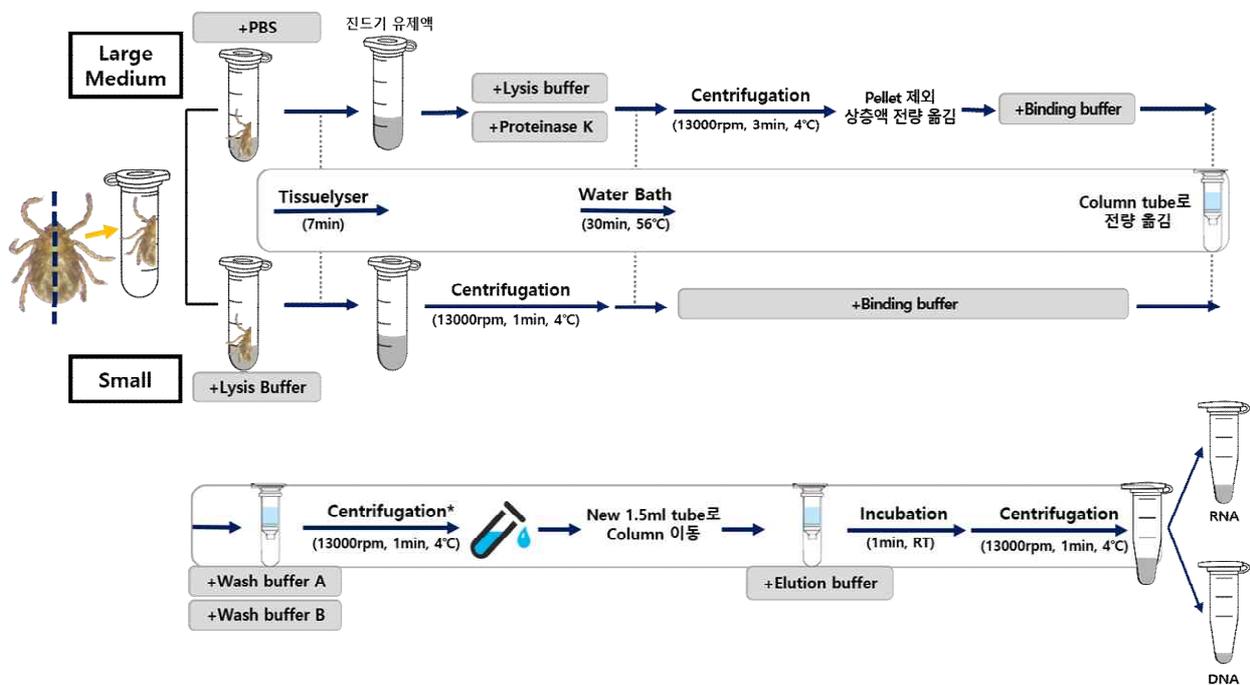


그림 87. 참진드기에서 RNA/DNA 추출방법 모식도.

나. 참진드기 크기에 따른 RNA/DNA 추출 방법

PCR 및 NGS 동시 분석 및 바이러스 분리를 위해 PCR 분석에 사용된 모든 참진드기를 0.5마리로 이등분하였다. 참진드기의 구기부를 중심으로 수술용 메스 날을 이용하여 참진드기 세로 정중면을 이등분하였고, 2ml 튜브에 담아 RNA 및 DNA 추출 전까지 -80°C 초저온냉동고에 보관하였다. 유전자 추출을 위하여 Patho Gene-spin™ DNA/RNA extraction kit(iNtRON, ROK)를 사용하여 참진드기로부터 viral RNA 및 DNA를 추출하였다. M, L 사이즈에 해당하는 0.020g 이상인 흡혈 참진드기는 0.5마리 참진드기에 대해 PBS(1X) 200ul을 처리후 티슈라이저(TissueLyser II, QIAGEN, Hilden, Germany)를 7분간, 1초에 25회 진동하는 조건에서 진행하였다. 참진드기 유제액 200ul을 분리하여 1.5ml 튜브로 옮기고, Lysis buffer 300ul 및 단백질 제거를 위한 Proteinase K 20ul를 처리 후 배양(30min, 56°C)하였다. 이후 키트 사용설명서에 따라 binding buffer 300ul, wash buffer A 500ul, wash buffer B 500ul를 처리하여 RNA 및 DNA 추출을 진행하였다. S 사이즈에 해당하는 0.020g 미만 흡혈참진드기와 비흡혈 참진드기는 추출키트 사용설명서에 따라 300ul lysis buffer를 처리하여 티슈라이저를 7분간, 1초에 25회 진동하는 조건 진행하고, 원심분리(13,000rpm, 1min, 4°C)을 진행하였다. 배양(30min, 56°C)이후 사용설명서에 따라 binding buffer 300ul, wash buffer A 500ul, wash buffer B 500ul를 처리하여 RNA 및 DNA 추출을 진행하였다. 유전자 추출 키트를 이용하여 0.5마리의 참진드기에서 최종적으로 용출용액 60ul로서 RNA와 DNA를 추출하였으며, 40ul은 RNA 바이러스 병원체에 대한 PCR 분석을 위해 1.5ml 튜브에 분리하여 실험 진행후 -80°C 초저온냉동고에 보관하였다. 20ul은 DNA 병원체 PCR 분석을 위해 1.5ml 튜브에 분리하여 -20°C 냉동고에 보관하였다.

다. 혈액 및 비장 전처리 방법

혈액 시료의 경우 1.5ml 튜브에 Proteinase K 20ul 및 Lysis buffer 300ul와 함께 혈액 시료 200ul를 첨가한 후 실온에서 10분간 유지하였다. 비장 시료의 경우 고압 멸균된 가위를 사용하여 전체 비장 시료 중 20mg만 잘라 사용하였다. 그리고 1.5ml 튜브에 담아 Proteinase K 20ul 및 Lysis buffer 300ul를 첨가하였다. 비장 조직의 균일한 분해를 위해 균질기를 사용한 후 56°C의 항온수조에서 30분간 유지하였다. 이후 Patho Gene-spin™ DNA/RNA 추출 키트(iNtRON Bio, ROK) 사용설명서에 따라 binding buffer 300ul, wash buffer A 500ul, wash buffer B 500ul를 처리하여 RNA 및 DNA 추출을 진행하였다. 키트를 사용하여 200ul의 혈액, 20mg의 비장에서 최종적으로 60ul를 용출하였으며, 40ul은 RNA 바이러스 병원체 PCR 분석을 위해 1.5ml 튜브에 분리하여 실험 진행 후 -80°C에 보관하였다. 20ul은 DNA 병원체 PCR 분석을 위해 1.5ml 튜브에 분리하여 -20°C에 보관하였다(그림 88).

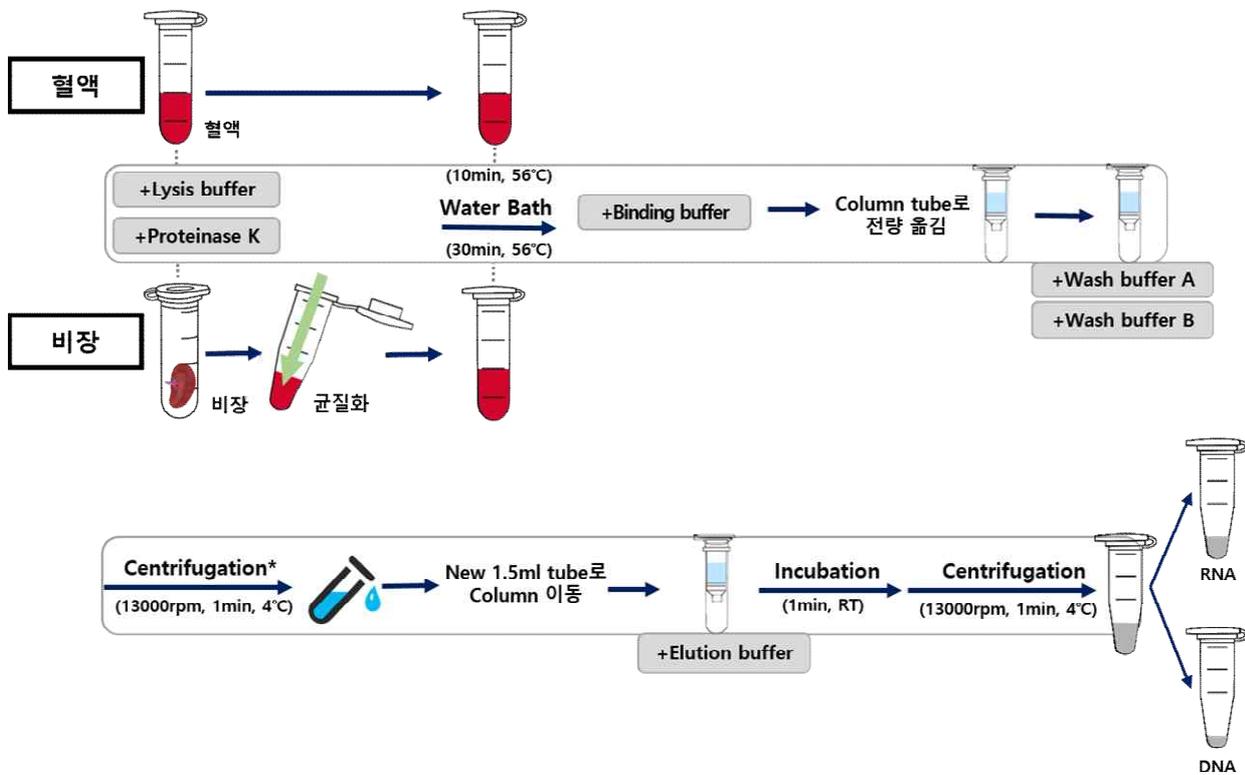


그림 88. 혈액 및 비장에서 RNA/DNA 추출 방법 모식도.

(2) PCR 분석시 사용하는 RNA 조건 설정

가. PCR을 위한 RNA 사용량 결정

참진드기는 중량 및 흡혈 여부에 따라 Nested-PCR을 위한 RNA 사용량을 결정하였다. 참진드기 분류 기준은 흡혈 성충 참진드기에 대해 측정한 평균 중량을 반영하여 설정하였다. 각 시료에 대해 분광광도계를 통해 측정한 RNA 농도값을 기준으로, 전기영동을 통해 확인한 밴드의 크기를 참고하여 결정하였다(표 10).

표 10. Nested-PCR을 위한 RNA 사용량 결정

시료종류	구분	기준	RNA 농도 (ng/ul)	RNA 사용량 (ul)
참진드기 (0.5마리)	L, M	중량이 0.200g이상인 흡혈 성충 참진드기	750	2
		중량이 0.200이상, 0.002g 이하인 흡혈 성충 참진드기	800	2
	S	중량이 0.002g 이하인 흡혈 성충 참진드기	40	4
		비흡혈 성충 참진드기		
혈액	200ul		20	4
비장	20mg		200	2

*참진드기 중량의 경우, 1마리 참진드기에 대해 측정한 값을 기준으로 함. L, Large; M, Medium; S, Small.

(3) PCR 분석

가. RT-PCR 및 Nested-PCR을 통한 병원체 검출

병원체 14개에 대해 유전자 검출을 위한 PCR을 진행하였다. 추출한 RNA로부터 RNA 바이러스 5개, DNA로부터 9개 병원체에 대해 PCR 증폭을 수행하였다. RNA 바이러스는 One Step-RT Nested-PCR을 수행하였으며, DNA로부터 *Babesia gibsoni*와 *Theileria* spp.에 대해서는 Conventional PCR을 수행하였고, 이하 7개 병원체에 대해서는 Nested-PCR로 병원체를 확인하였다(표 11).

표 11. PCR 분석을 진행한 14개 병원체 목록

RNA(5개 바이러스)	DNA(9개 박테리아 및 주혈원충)
- Severe fever thrombocytopenia syndrome virus (SFTSV)	- <i>Anaplasma (A.) phagocytophilum</i>
- Tick-borne encephalitis virus (TBEV)	- <i>A. bovis</i>
- Crimean-Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV)	- <i>Ehrlichia (E.) chaffeensis</i>
- Langya virus (LV)	- <i>E. canis</i>
- Yezo virus (YZ)	- <i>Rickettsia</i> spp.
	- <i>Borrelia</i> spp.
	- <i>Bartonella</i> spp.
	- <i>Babesia gibsoni</i>
	- <i>Theileria</i> spp.

나. PCR 분석 조건 수립 및 프라이머 설정

○ 주요 타겟 바이러스 병원체에 대한 프라이머, PCR 프라이머 및 조건

참진드기 매개 바이러스 병원체의 검출을 위하여 One Step-RT Nested PCR 방법을 이용하여 RNA 바이러스인 SFTS virus와 TBE virus 2종에 대한 항원 검사를 진행하였다(표 12). 또한 국내 유입되지 않았었던 RNA 바이러스인 CCHF virus, Yezo virus, Langya virus 3종에 대한 RT-Nested PCR 조건을 확립하기 위하여 보고된 문헌을 참고하였다(표 13).

표 12. 참진드기 매개 바이러스 검출을 위한 PCR 프라이머 및 조건

Species	Target gene	Primer name PCR conditions	Primer sequences (5'-3')				Cycles	Amplicon size (bp)	References	
			Initial step (°C/min)	Denaturation (°C/min)	Annealing (°C/min)	Extension (°C/min)				
SFTS virus	S segment	NP-2F		CATCATTGTCTTTGCCCTGA		40	461	Yoshikawa et al., 2014		
		NP-2R		AGAAGACAGAGTTCACAGCA						
		Conditions	50/30	94/0.33	52/0.67				72/0.5	
				N2-F		AAYAAGATCGTCAAGGCATCA		25	346	Oh et al., 2016
				N2-R		TAGTCTTGGTGAAGGCATCTT				
				Conditions	94/0.33	55/0.67	72/0.5			
TBE virus	E gene	TBE913F		TGCACACAYTTGGAACAGGGA		30	854	Temovci et al., 2003		
		TBE1738R		TGGCCACTTTTCAGGTGGTACTTGGTTCC						
		Conditions	45/30	94/0.5	59/0.5				72/1	
				TBE1192F		CAGAGTGATCGAGGCTGGGGYAA		30	506	Yun et al., 2014
				TBE1669R		AACACTCCAGTCTGGTCTCCRAGTTGTA				
				Conditions	94/0.33	62/0.17	68/0.33			

표 13. 국내 유입 가능한 참진드기 매개 바이러스의 PCR 수행을 위한 프라이머 및 조건

Species	Target gene	Primer name PCR conditions	Primer sequences (5'-3')				Cycles	Amplicon size (bp)	References		
			Initial step (°C/min)	Denaturation (°C/min)	Annealing (°C/min)	Extension (°C/min)					
CCHF virus	S segment	F2		TGGACACCTTCACAAACTC			35	536	Yunyi et al., 2022		
		R3		GRYRAAYTCCCTRCACCA							
		Conditions	55/30	94/0.5	55/1	72/0.17					
				F3		GAATGTGCWTGGGYAGCTC			35	260	Yunyi et al., 2022 Tekin et al., 2012
				R2		GACATCACAAATTCACCAGG					
				Conditions	94/0.5	55/1	72/0.17				
Yezo virus	S segment	F 1		TGCTCCAATCCCAGAATGTGCCTGG			35	322	Kodama et al., 2021		
				R 1		CCTGTGCCTTCTTGTCTCCTCATGTC					
				Conditions	50/30	94/0.5				60/0.5	72/0.5
				F 2		TCTTCACGGAGGGTATGGCA			30	221	Han et al., 2023
				R 2		CTTCGGGGCAATGTAGACCT					
				Conditions	95/0.33	54/0.5	72/1				
Langya virus	L segment	MJ_F1		TGAGCATGAAGTCTAAAGAGC			35	577	Zhang et al., 2022		
				MJ_R1		ATTCCTTCGTCTGGCACATC					
				Conditions	50/30	95/0.33				62/0.66	72/1
				MJ_F2		CGGCCTCATCAGTTCCAAAG			30	510	
				MJ_R2		AAAGGCGGTGGACAGTAAGGA					
				Conditions	95/0.33	62/0.5	72/0.5				

문헌에 PCR 조건이 나오지 않은 Langya virus의 경우에는 사용하는 시약, base pair의 길이, primer의 Tm값 등을 고려하여 조건 설정을 한 후 positive control 샘플을 통하여 잘 설정이 되었는지 확인하였다. Yezo virus의 경우 PCR의 민감도를 높이기 위한 Nested PCR 방법을 위한 2차 primer와 PCR 조건을 자체적으로 새로 확립하였다.

- 새롭게 검출하고자 하는 병원체의 양성 대조를 위한 유전자 합성 의뢰

새롭게 검출하고자 하는 병원체인 CCHF virus, Yezo virus 및 Langya virus에 대해 각각의 문헌에서 Gene Number를 참고하여 NCBI 사이트에 접속하여, Gene Bank에 등록된 염기서열을 참고하여 프라이머를 Align 후 해당 염기서열의 유전자 합성을 의뢰하였다. 합성된 양성 대조 유전자를 이용하여 PCR을 수행하였으며, 증폭된 DNA를 agarose gel에 100 volt로 30분간 전기영동 후 UV 상에서 밴드를 확인하였다.

CCHF virus에서 PCR optimization을 위한 positive control 샘플의 프라이머를 이용한 Align을 진행하였고, 염기서열을 유전자 합성 의뢰하였다(그림 89-92).

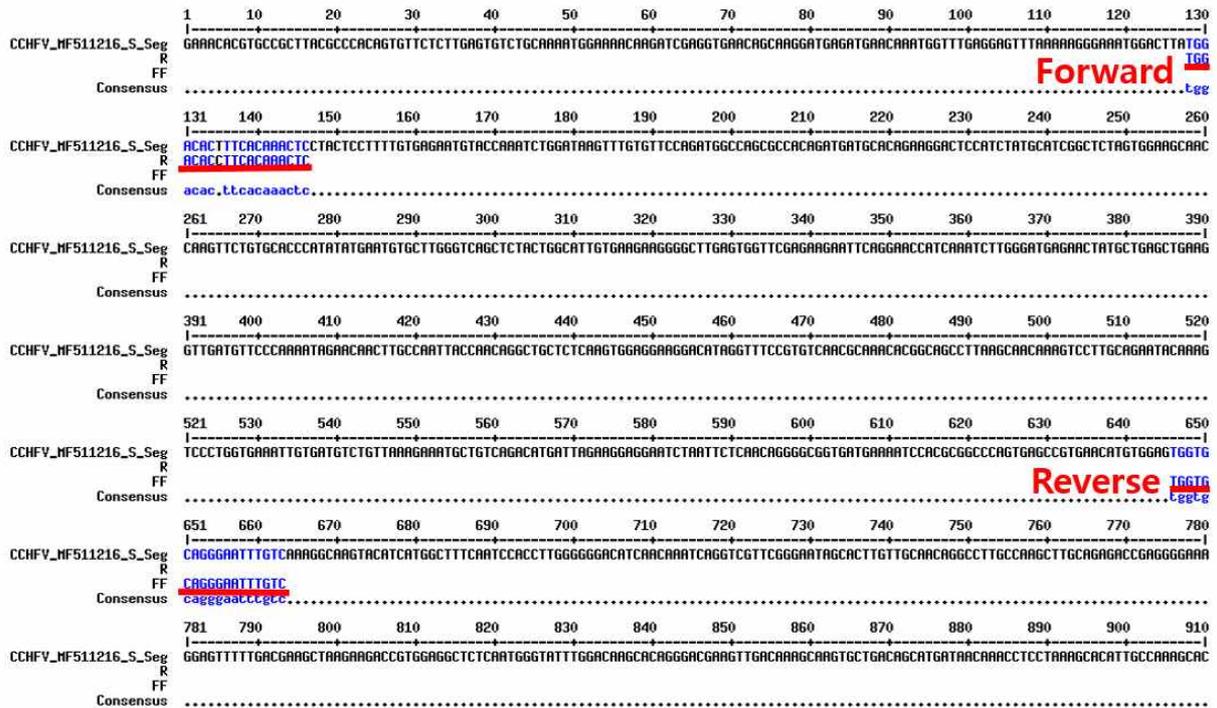


그림 89. CCHF virus 1차 PCR 프라이머의 Align.

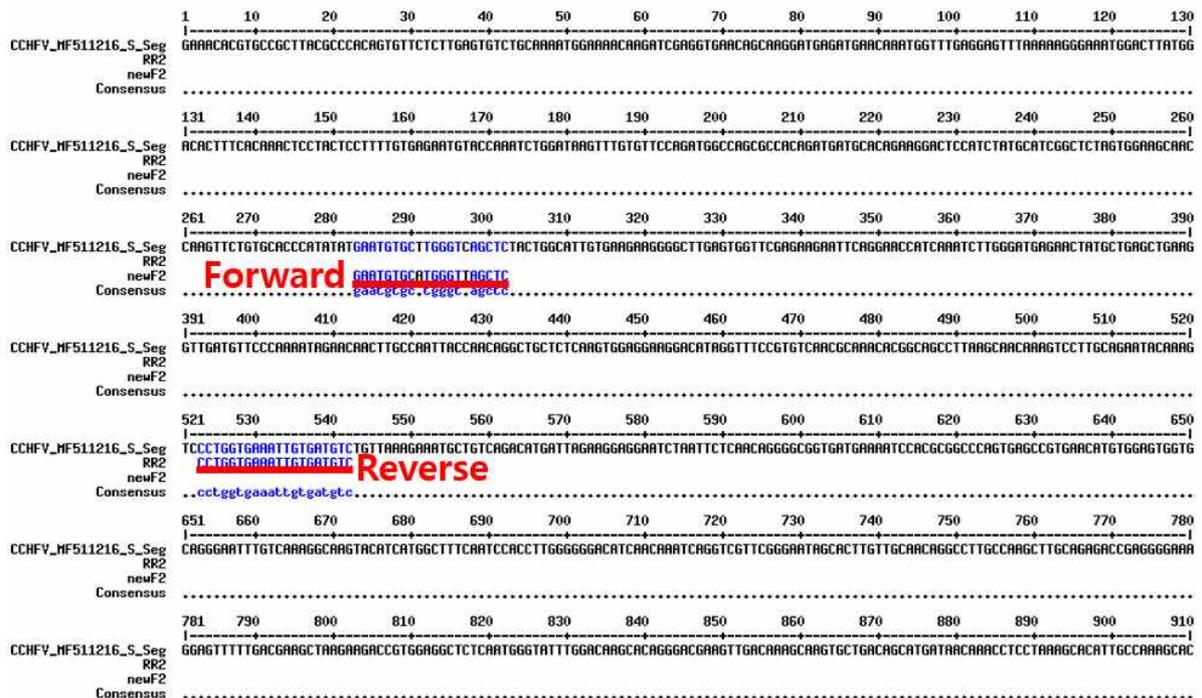


그림 90. CCHF virus 2차 PCR 프라이머의 Align.

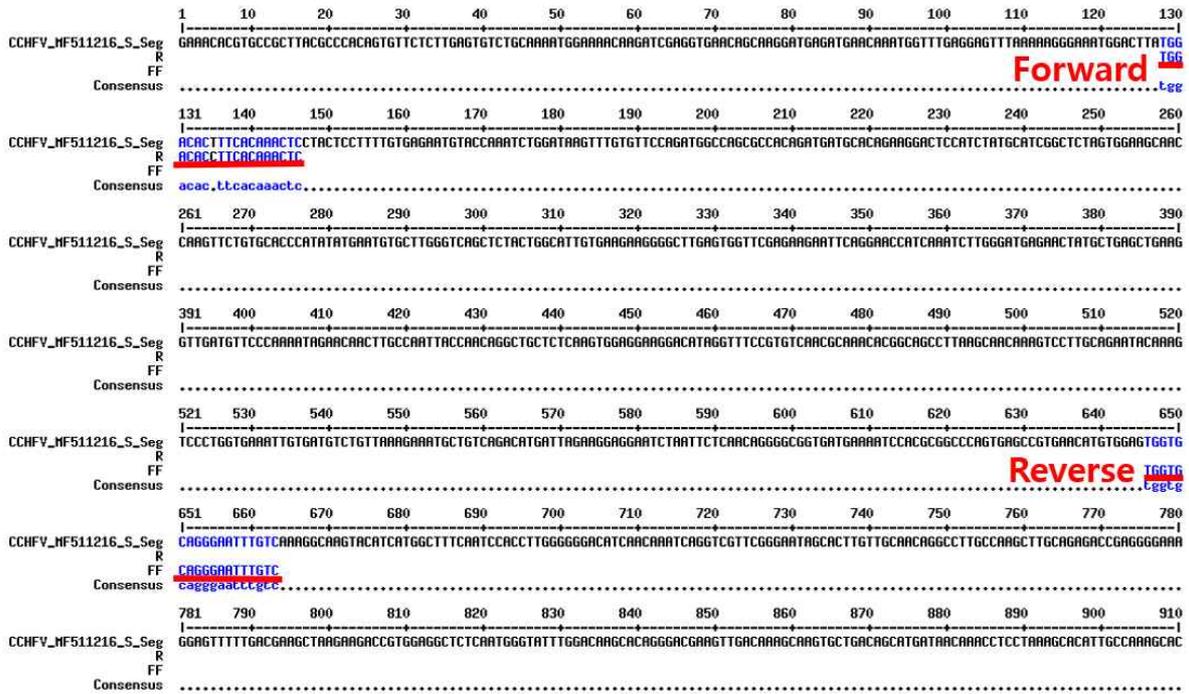


그림 91. CCHF virus 1차 PCR 프라이머의 Align.

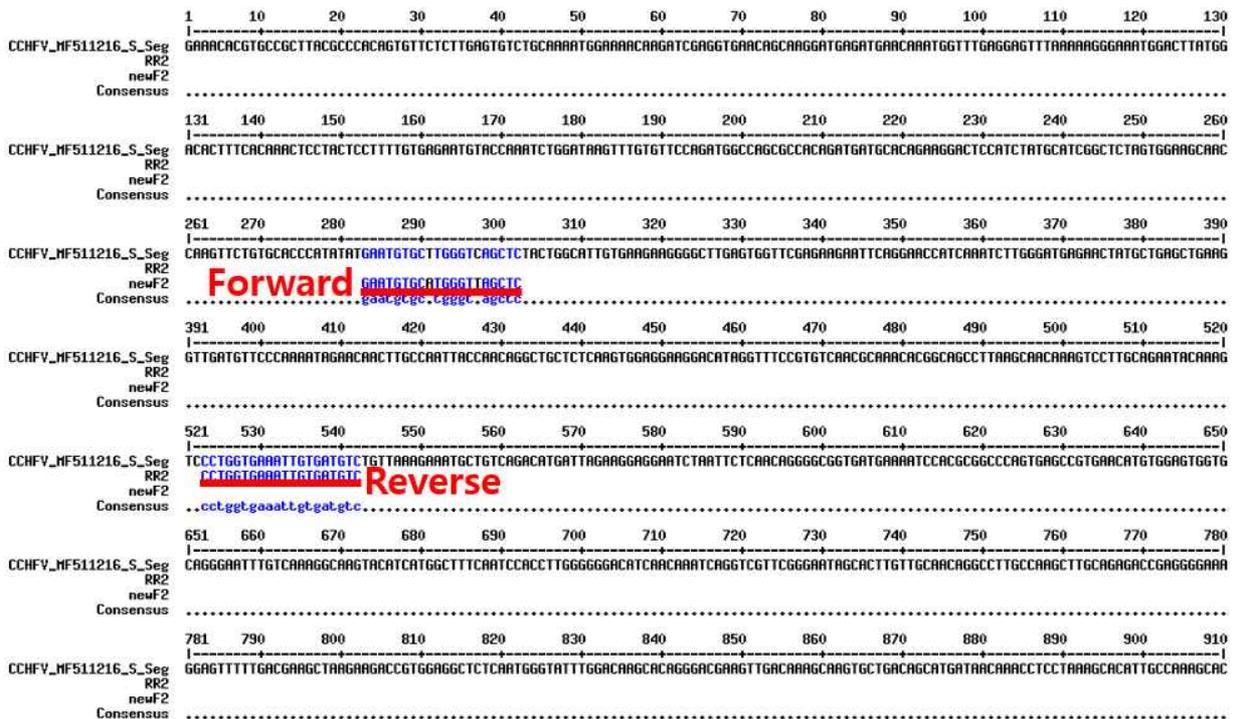


그림 92. CCHF virus 2차 PCR 프라이머의 Align.

CCHF virus의 유전자 합성 의뢰한 염기서열은 다음과 같다.

>CCHFV1_MF511216_S_Segment_Turkey

```

aatggacttatggacactttcacaaactcctactccttttgagaaatgtaccaaatctggataagttgtgtccagatggccag
cgccacagatgatgcacagaaggactccatctatgcatcggctctagtggaagcaaccaagtctgtgacccatatatgaat
gtgcttgggtcagctctactggcattgtgaagaagggcttgagtggttcgagaagaattcaggaacctcaaatcttgggatg
agaactatgctgagctgaaggtgatgtccaaaatagaacaacttgccaattaccaacaggctgctctcaagtggaggaag
gacataggttccgtgtcaacgcaaacacggcagccttaagcaacaaagtccttgagaatacaaagtccttggtgaaattgt
gatgtctgtaaagaaatgctgtcagacatgattagaaggaggaatctaattctcaacaggggctggtgatgaaaatccacgcg
gccagtgagccgtgaacatgtggagtgtgcaggaattttgcaaaggcaagta
    
```

Yezo virus에서 PCR optimization을 위한 positive control 샘플의 프라이머를 이용한 Align을 진행하였고 염기서열을 유전자 합성 의뢰하였다(그림 93-94).

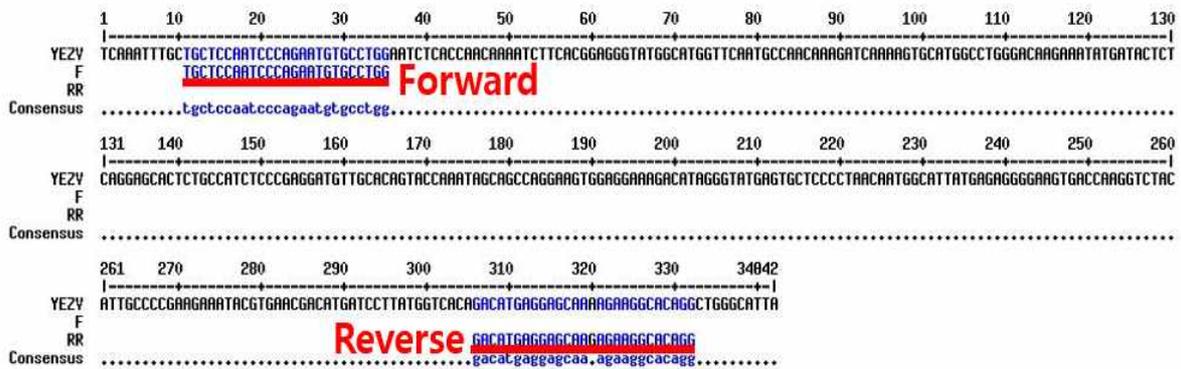


그림 93. Yezo virus 1차 PCR 프라이머의 Align.

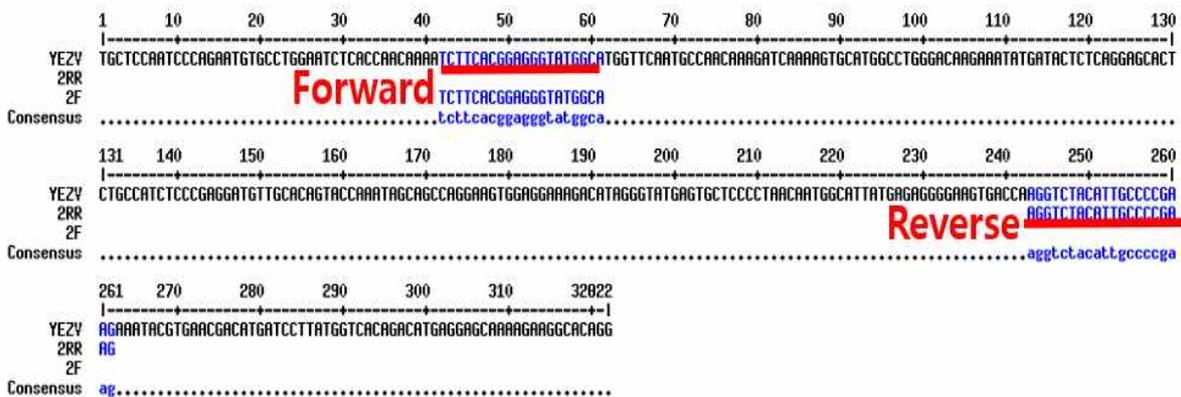


그림 94. Yezo virus 2차 PCR 프라이머의 Align.

Yezo virus 유전자 합성 의뢰한 염기서열은 다음과 같다.

>YEZV_LC628643_S_Segment_Japan

tcaaatttgctgctccaatcccagaatgtgcttgggaatctaccaacaaaatcttcacggagggtatggcatggttcaatgccaacaa
 agatcaaaaagtgcattggcctgggacaagaaatgatatactcaggagcactctgccatctcccaggatggtgcacagtaccaa
 tagcagccaggaagtggaggaaagacatagggtatgagtgtcccctaacaatggcattatgagaggggaagtgaccaaggtcta
 cattgccccgaagaaatcgtgaacgacatgatccttatggtcacagacatgaggagcaaaaagaaggcacaggctgggcatta

Lanya virus에서 PCR optimization을 위한 positive control 샘플의 프라이머를 이용한 Align
 을 진행하였고 염기서열을 유전자 합성 의뢰하였다(그림 95-96).

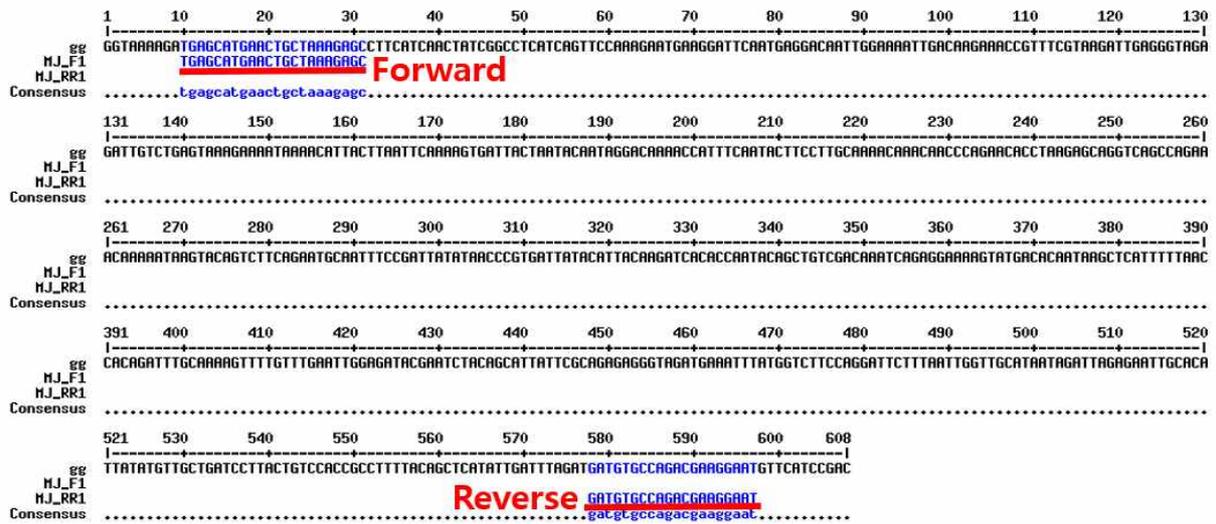


그림 95. Lanya virus 1차 PCR 프라이머의 Align.

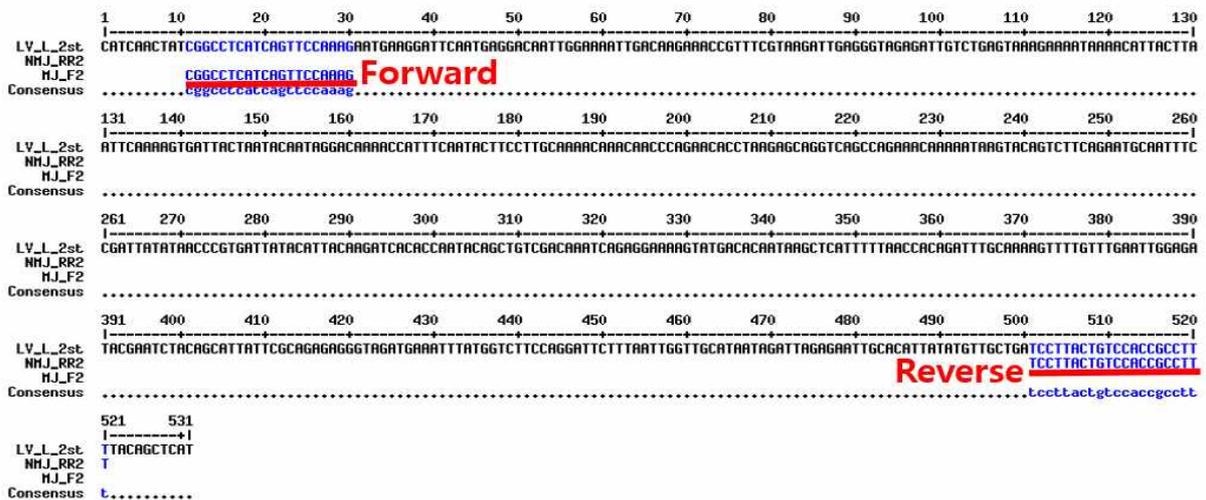


그림 96. Lanya virus 2차 PCR 프라이머의 Align.

Langya virus의 유전자 합성 의뢰한 염기서열은 다음과 같다.

>Langya_virus_OM101125_L_segment_China

```
ggtaaaagatgagcatgaactgctaaagagccttcatcaactatcggcctcatcagttccaagaatgaaggattcaatgaggaca  
attggaaaattgacaagaaaccgtttcgtaagattgagggtagagattgtctgagtaaagaaaataaaacattacttaattcaaagt  
attactaatacaataggacaaaaccatttcaatacttcttgcaaaaacaaacaaccagaaacacctaagagcaggtcagccagaa  
acaaaataagtacagtcttcagaatgcaatttccgattatataaccctgattatacattacaagatcacaccaatacagctgtcgac  
aatcagaggaaaagtatgacacaataagctcattttaaccacagatttgcaaaagtttgtttgaattggagatacgaatctacagc  
attattcgagagagggtagatgaaattttaggtctccaggattctttaattggttgcataatagattagagaattgcacattatgttgc  
gatccttactgtccaccgccttttacagctcatattgatttagatgatgtgccagacgaaggaatgttcatccgac
```

○ 주요 타겟 세균 및 주혈원충 병원체에 대한 PCR 프라이머 및 조건

참진드기 매개질병에서 Bacteria 및 Protozoa 검출을 위하여 *Anaplasma*, *Ehrlichia*, *Babesia*, *Borrelia*, *Rickettsia*, *Bartonella*, *Theileria* 병원체 7종에 대한 항원 검사를 진행하였다(표 14).

다. 병원체 유전자 확인을 위한 DNA 유전자 염기서열 분석

병원체 유전자 확인을 위한 PCR 검사에서 목표하는 크기(bp)에 해당하는 증폭된 밴드를 확인 시, 병원체의 유전자 염기서열 분석(DNA sequencing)을 실시하여 확인하였다. 염기서열 분석을 위한 PCR 산물 추출에는 NICSROprep DNA extraction kit(BIONICS, ROK)을 사용하였다.

라. 계통발생학적 분석(Phylogenetic analyses)

유전자 염기서열 분석을 통해 확인한 병원체 유전자형(genotype)을 확인하기 위해 계통수(phylogenetic tree)를 작성하였다. NCBI에 등록된 병원체 유전자 서열을 파스타(Fasta) 형식으로 취합 후 MltiAlin 프로그램으로 서열을 정리하였다. Mega 7 프로그램에 내장된 Maximum Likelihood(ML) 모델을 이용하여 계통수를 작성하였다.

표 14. 참진드기 매개 병원체 유전자 검출을 위한 PCR 프라이머 및 조건 정보

Species	Target gene	Primer name PCR conditions	Primer sequences (5'-3')			Cycles	Amplicon size (bp)	References	
			Denaturation (°C/min)	Annealing (°C/min)	Extension (°C/min)				
<i>Anaplasma Ehrlichia</i> spp.	16S rRNA	AE1-F	AAGCTTAACACATGCAAGTCGAA			35	1,406	Oh et al., 2009	
		AE1-R	AGTCACTGACCCAACCTTAAATG						
		Conditions	94/1	56/1	72/1.5				
<i>A. phagocytophilum</i>	16S rRNA	EE3	GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGC			25	926	Barlough et al., 1996	
		EE4	CCCTTCCGTTAAGAAGGATCTAATCTCC						
		Conditions	94/0.83	56/0.83	72/1.17				
<i>A. bovis</i>	16S rRNA	ABKf	TAGCTTGCTATGGGGACAA			25	547	Kang et al., 2011	
		AB1r	TCTCCCGGACTCCAGTCTG						
		Conditions	94/0.83	59/0.83	72/0.83				
<i>A. capra</i>	16S rRNA	Ana16sintup1	AACTCCGTGCCAGCAGCCGCG			30	581	Jouglin M et al., 2019	
		Ana16Sdo1	CCCAACATCTCACGACAC						
		Conditions	95/0.33	55/0.25	72/0.33				
<i>E. chaffeensis</i>	16S rRNA	HE3	TATAGGTACCGTCATTATCTTCCCTAT			25	390	Murphy et al., 1998	
		HE1	CAATTGCTTATAACCTTTTGGTTATAAAT						
		Conditions	94/0.5	56/0.5	72/0.5				
<i>E. canis</i>	16S rRNA	HE3	TATAGGTACCGTCATTATCTTCCCTAT			25	350	Chae et al., 2003	
		ECAN5	CAATTATTATAGCCTCTGGCTATAGGA						
		Conditions	94/0.5	56/0.5	72/0.5				
<i>Babesia gibsoni</i>	16S rRNA	Babgen F	GAAACTGCGAATGGCTCATT			30	642	Santos et al., 2009	
		Babesiarev1	CAATGCTGAAGTATTCAAGAC						
		Conditions	94/0.5	55/0.5	72/0.5				
<i>Borrelia</i> spp.	16S rRNA	B1	CAGTGCCTCTTAAGCATGC			30	1,427	Park et al., 2004	
		B8	CCTTAAATACCTTCTCTCC						
		Conditions	94/1	58/1	72/1.5				
		B3	GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGG			25	714		
B6	CAACCATGCAGCACCTGTATAT								
		Conditions	94/0.5	59/0.75	72/0.75				
<i>Rickettsia</i> spp.	gltA	RgltA OF	GGGGACCTGCTCACGGCGG			35	381	Ko et al., 2011	
		RgltA OR	ATTGCAAAAAGTACAGTGAACA						
		Conditions	95/0.75	54/0.75	72/0/75				
		RgltA IF	CTAATGAAGCAGTGATAA			25	337		
RgltA IR	GCGACGGTATACCCATAGC								
		Conditions	95/0.5	58/0.5	72/0.5				
<i>Bartonella grahamii</i>	Internal transcribed spacer	QHVE1	TTCAGATGATGATCCCAAGC			30	735	V. Roux et al., 1995	
		QHVE4	AACATGTCTGAATATATC						
		Conditions	94/0.75	55/0.75	72/0.75				
		QHVE12	CCGGAGGGCTTGTAGCTCA			30	484		Seki et al., 2006
QHVE14	CACAAATTTCAATAGAAC								
		Conditions	94/0.5	55/0.75	72/0.75				
<i>B. schoenbuchensis</i>	Internal transcribed spacer	JEN1F	CTCTTTCTTCAGATGATGATCC			20	317	Maillard et al. 2004	
		B1623R	AACCAACTGAGCTACAAGCC						
		Conditions	95/1	60/1	72/0.5				
		2F	GCTTGCCGCCTTCATTTCTC			20	206		Han et al., 2023
2R	ACCAACTGAGCTACAAGCCC								
		Conditions	95/1	60/1	72/0.5				
<i>Theileria</i> spp.	MPSP	MPSP-F	CACGCTATGTTGTCCAAGAG			35	875	Tanaka et al., 1993	
		MPSP-R	TGTGAGACTCAATGCGCCTA						
		Conditions	93/0.66	62/0.5	72/1.5				

4) 병원체 분리

(1) 세포주 배양을 통한 병원체 분리 시도

SFTSV 항원 검사 결과 양성으로 확인된 전처리된 충북 야생동물센터 고라니의 비장 샘플을 준비하여 생물안전작업대 안에서 Vero E6 cell이 자란 T-75 flask에 DMEM 배지(2%, FBS)를 넣어준 후, 샘플을 접종하였다. 이후 37°C incubator에서 4~5일 정도 CPE가 보일때까지 배양하여 매일 확인하였다. 세포병변효과(Cytopathic effect, CPE)가 보이면 PCR로 SFTSV 항원을 확인하고 일정한 바이러스의 확보를 위해 passage 3 이상의 SFTSV의 감염을 확인하였다. 여러 번의 과정으로 SFTSV의 감염이 확인되면 양성 혈청에 감염된 Vero E6 세포를 사용하여 면역형광법(Immunofluorescence assay, IFA) 슬라이드를 제작한 후 항체 검사를 실시하였다.

이미 항체 양성이 확인된 고라니의 혈청을 1:50에서 1:200까지 희석하여 연속적인 항체 검사를 실시하였으며, 형광현미경(EVOS™ M7000 Imaging System, Thermo Fisher Scientific, MA)을 이용하여 IFA 슬라이드를 관찰하였다(그림 97). 위 과정을 통해 바이러스 분리가 확인되면, Vero E6 세포의 상층액을 여과하여 -80°C 초저온냉동고에 보관하였다.

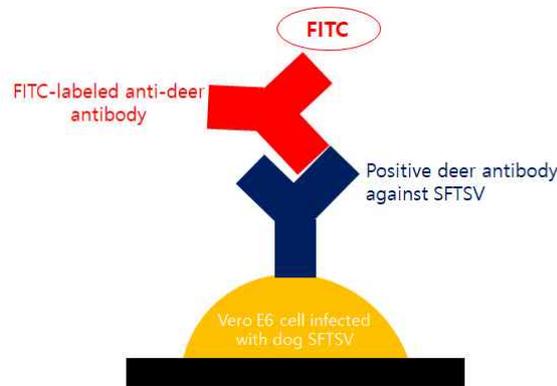


그림 97. SFTSV에 대한 항체 검출을 위한 면역형광법 모식도.

3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도

3-1. 정성적 연구개발성과

1) 국내외 진드기매개질병 네트워크 구축

국내 야생동물구조관리센터 6개소와 야생동물 유래시료 수집 협력체계를 구축하고, 국외 10개 연구팀과 참진드기 매개 국제공동연구를 위한 연구협약을 체결하였다(표 15-16, 그림 98-104).

표 15. 연구용 시료 수집 협력체계를 구축한 국내 야생동물구조센터

연번	기관명	지역	협력 내용
1	강원도 야생동물구조센터	강원 지역	조류, 포유류, 파충류 유래 혈액, 비장 및 참진드기 시료 공유
2	경기도 야생동물구조관리센터	경기 남부	
3	경기북부 야생동물구조관리센터	경기 북부	
4	충북 야생동물구조센터	충청 북부	
5	울산시설관리공단	울산 인근	
6	낙동강하구에코센터	부산 인근	

표 16. 국제공동연구 체결 국가 및 기관

국가	날짜	기관
태국	2022.08.08.	Veterinary Science, Chulalongkorn University
몽골	2022.08.16.	Wildlife Science and Conservation Center of Mongolia (WSCC)
홍콩	2022.11.22.	Hong Kong Birdwatching Society (HKBWS)
필리핀	2022.12.07.	College of Veterinary Medicine, University of the Philippines Los Baños
베트남(하노이)	2022.12.15	Faculty of Veterinary Medicine, Vietnam National University of Agriculture
일본	2022.12.31.	Biological Sciences, Tokai University
인도네시아	2023.02.21.	Veterinary Medicine, Universitas Gadjah Mada
파키스탄	2023.03.13.	Veterinary Science, University of Veterinary and Animal Sciences
대만	2023.04.28.	Veterinary School, National Taiwan University
베트남(호치민)	2023.06.07.	Animal Science and Veterinary Medicine, Nong Lam University

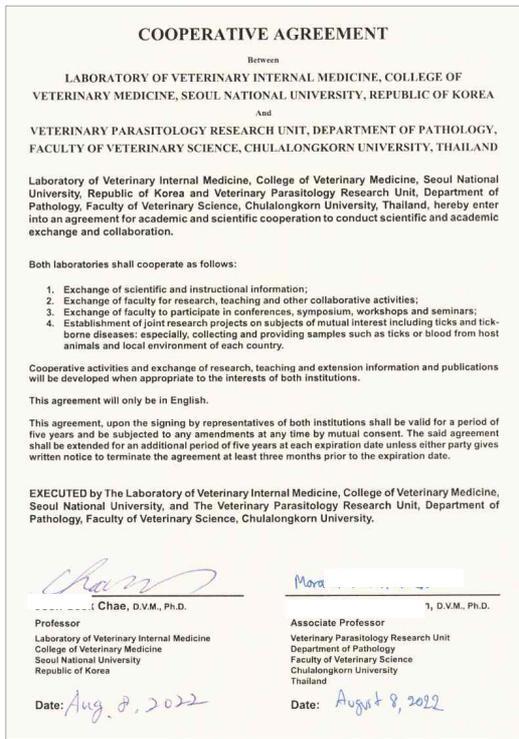


그림 98. 서울대학교-태국 Chulalongkorn University의 연구협력 체결문.

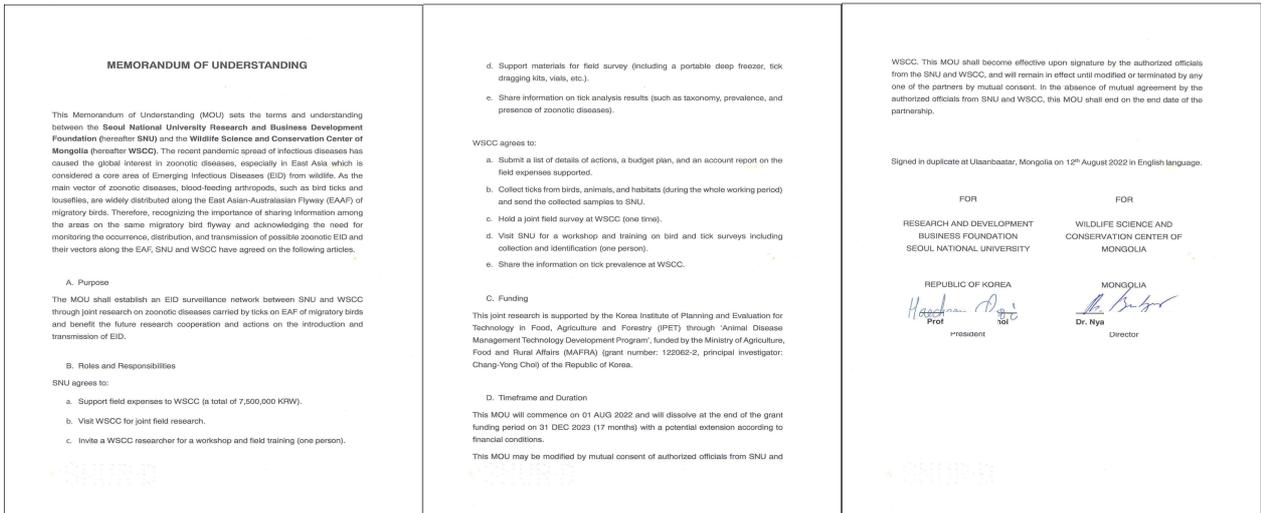


그림 99. 서울대학교 산학협력단 - 몽골 WSCC 공동연구 양해각서.

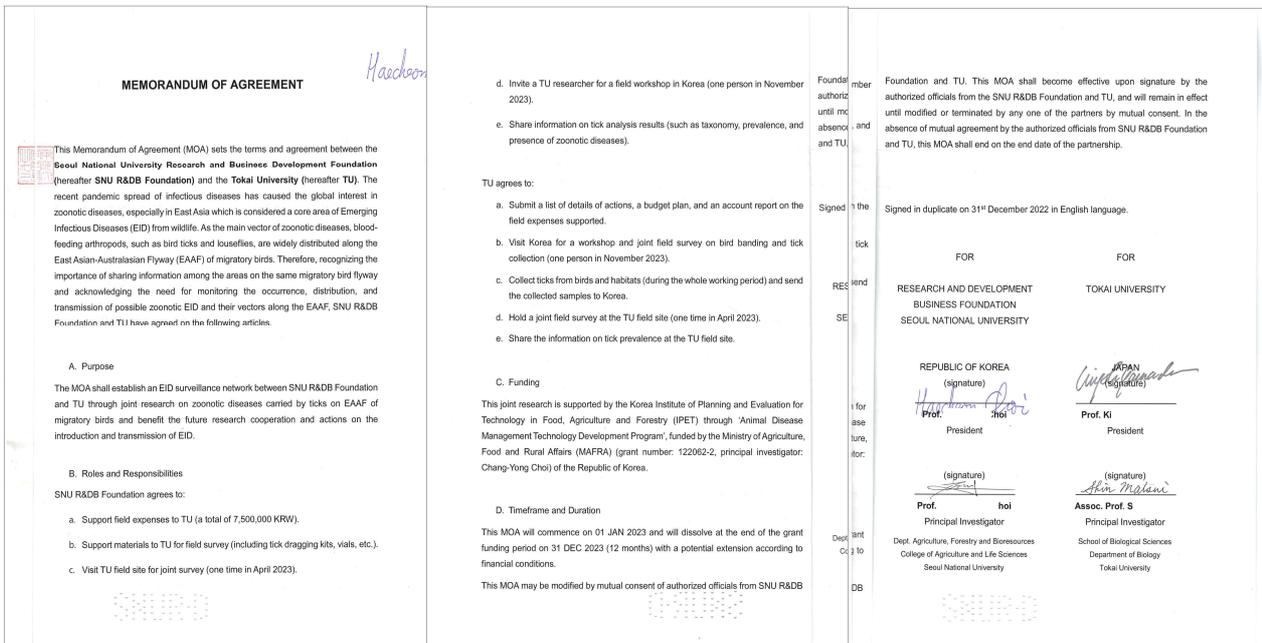


그림 102. 서울대학교 산학협력단 - 토카이대학교 공동연구 협정문서.

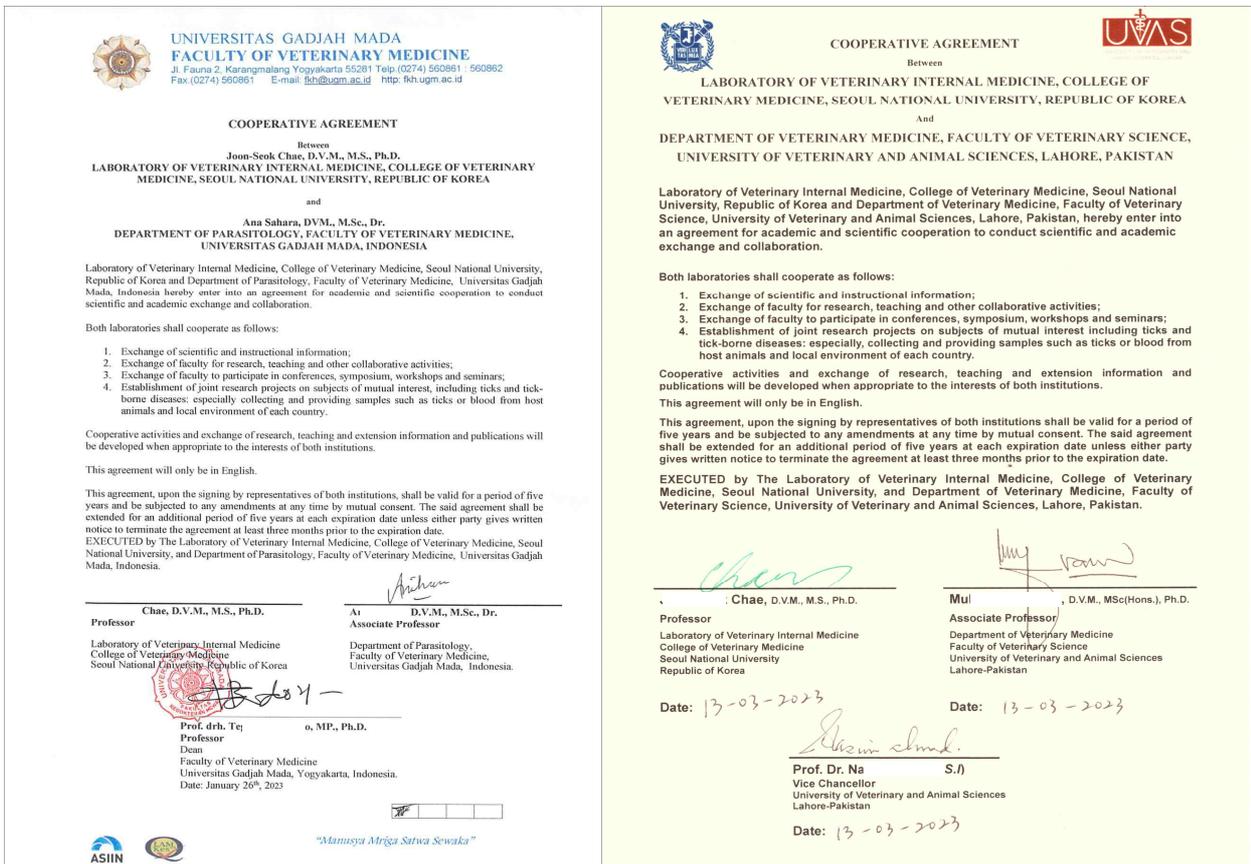


그림 103. 서울대학교-인도네시아 Universitas Gadjah Mada 연구협력 체결문(왼쪽) 및 서울대학교 파키스탄 University of Veterinary and Animal Sciences 연구협력 체결문(오른쪽).

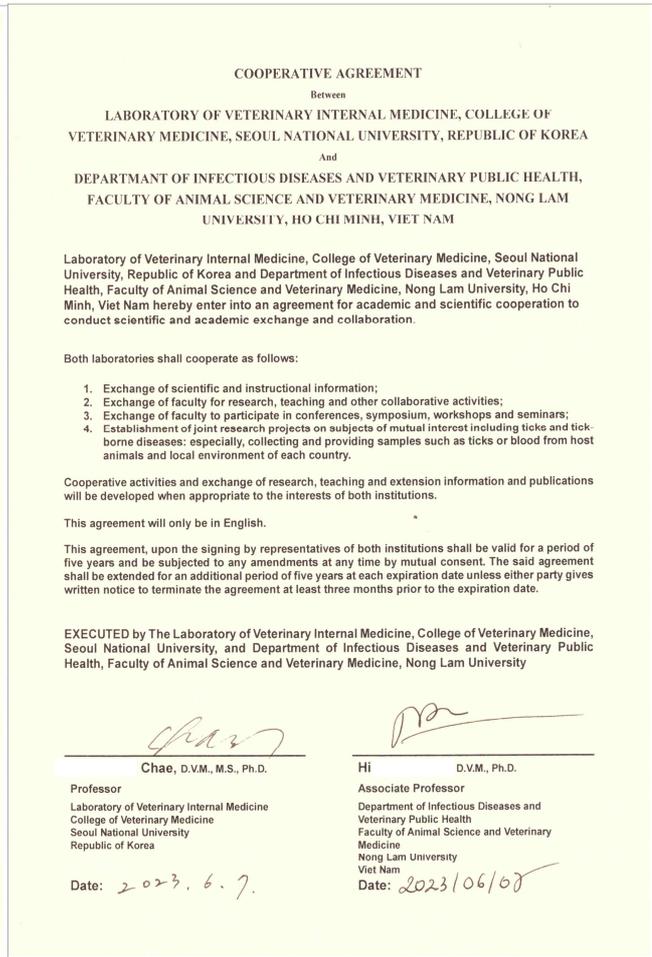
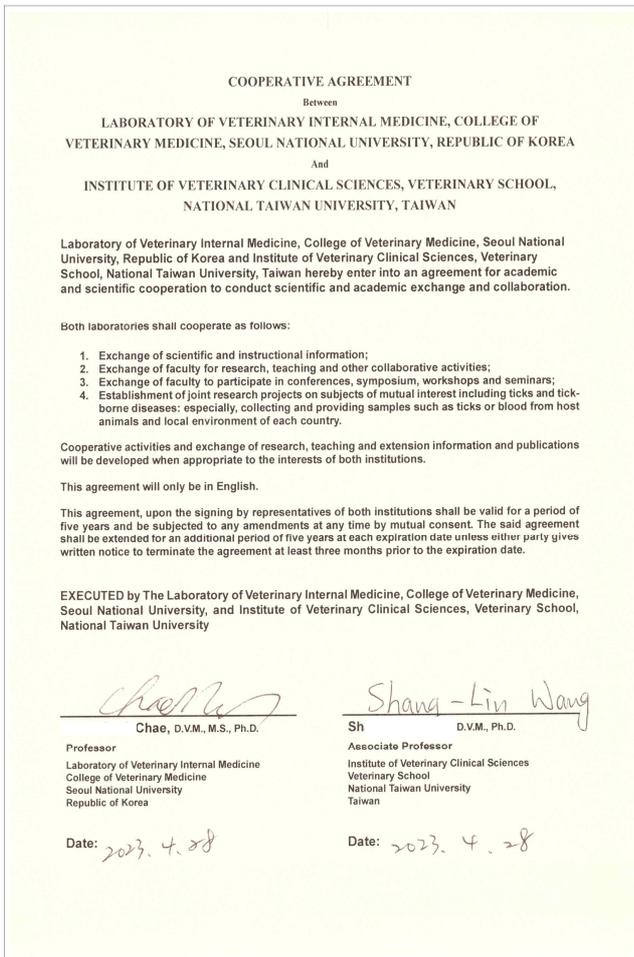


그림 104. 서울대학교-대만 National Taiwan University 연구협력 체결문(왼쪽) 및 서울대학교-베트남 Nong Lam University 연구협력 체결문(오른쪽).

2) 국제네트워크 지속과 효율적인 시료 수집을 위한 워크숍 및 심포지엄 개최

(1) 제1차 국제협력 워크숍

각국의 철새 이동상황 및 진드기 수집 협력의 기초를 다지기 위해 2022년 11월 3일부터 7일까지 서울대학교와 태안해안국립공원에서 워크숍을 개최하였다(표 17-18, 그림 105). 5개국 54명이 참석한 워크숍에서 국내 철새 이동 현황 및 철새를 이동 가능성이 있는 진드기 매개질병에 대한 최신의 연구 내용을 공유하고, 철새 포획 및 진드기 수집에 대한 현장 실습을 실시하였다(그림 105-107).

표 17. 제1차 국제협력워크숍 강연 목록

내용	강연자
축사	이 명예교수 (서울대학교 농업생명과학대학)
환영사	신 명예교수 (서울대학교 수의과대학)
야생동물의 외부기생충 연구 및 예찰의 필요성	최 교수 (충북대학교 의과대학)
진드기 매개 인수공통질병 연구현황	한 교수 (서울대학교 수의과대학)
한국 야생동물에 대한 SFTS 예찰 정책과 연구 방향	김 과장 (국립야생동물 질병관리원)
진드기를 중심으로 한 국내 철새 외부기생충의 전파 위험 모니터링 결과	최 교수 (서울대학교 농업생명과학대학)
복원사업 대상인 황새에 기생하는 외부기생충의 분포	심 교수 (공주대학교 산림과학과)
한국에서의 철새이동연구 개황	최 박사 (국립생물자원관)
국가별 철새이동연구 현황 및 소형산새류 이동연구체계 소개	Tu (WSSC, 몽골)
	An (HKBWS, 홍콩)
	Pa (University of Chinese Academy of Science, 태국)
	Ji (Department of National Parks, Wildlife and Plants Conservation, 태국)
	Sh (Japanese Bird Banding Association, 일본)

표 18. 제1차 국제협력워크숍 현장교육 강연 목록

강연 주제
조류 및 서식지에서의 진드기 수집 및 보관 방법
조류의 성별, 연령 구분 및 철새이동
철새이동조사 및 외부기생충의 사진 기록, 관리



그림 105. 제1차 국제협력워크숍 현수막.



그림 106. 워크숍 강연(서울대학교 호암교수회관).



그림 107. 강연 후 기념사진 촬영 (서울대학교 호암교수회관).

(2) 2023 SNU 국제심포지엄

동아시아 지역 내 참진드기매개감염병 발생에 대한 정보를 공유하고 연구성과를 발표하기 위해 2023년 6월 9일에 서울대학교에서 심포지엄을 개최하였다(표 19, 그림 111). 총 11개국 180명의 전문가 및 5개 관련업체에서 참석하여 예상보다 큰 규모로 진행되었다. 심포지엄은 3부에 걸쳐 철새 이동, 아시아의 진드기매개질병 현황, 한국에서의 신규진드기매개질병으로 진행되었다(표 20-22, 그림 108-109). 본 연구진은 이번 심포지엄을 통해 국내에서 처음으로 철새에서 SFTS 바이러스가 검출된 내용을 발표하였으며, 해당 내용이 중앙 TV 방송, 중앙전문지 등에 기사화되었다(그림 110).

표 19. 개최 행사

행사 내용	발표자
등록	2층 무궁화홀 프론트데스크
개회식	개회사 최 교수
	환영사 김 (서울대학교 연구부총장)
	축사 노 (농림식품기술기획평가원장)
	축사 지 (질병관리청장) - 영상축사
	축사 이 (농림축산검역본부장 직무대리)
	축사 신 (국립야생동물질병관리원장)

표 20. 제1부 발표 목록(동아시아 철새이동경로에서의 조류 이동)

발표 내용	발표자
진드기 및 진드기매개질병의 국내 유입에 대한 철새의 역할 Inconclusive roles of migratory birds in the introduction of ticks and associated tick-borne diseases to Korea	최 (서울대학교)
홍콩: 철새 이동기착지와 인간을 연결하기 Hong Kong: How to connect a city of migratory birds and people	Yu (HKBWS, Hong Kong)
홋카이도 서부에서의 장기 철새이동연구 Bird monitoring using bird banding for over 30 years in deciduous forest of western Hokkaido, Japan	Sh (Tokai University)
동아시아-대양주 철새이동경로 국가들의 학문적/사회적 네트워크 현황과 중요성 Importance and current status of scientific/social networking on the birds of the EAAF	Yo (Birdlife International, Singapore)
몽골을 통과하는 철새로부터의 기생충 연구 현황 Parasites and tick communities in migratory birds in Mongolia	Ot (WSCC, Mongolia)

표 21. 제2부 발표 목록(아시아의 진드기 및 진드기매개질병 현황)

발표 내용	발표자
원헬스 관점에서 본 베트남의 진드기 및 진드기매개질병 현황 Tick and tick-borne situation in Vietnam, One health concern	Bu (Vietnam National University of Agriculture)
베트남 남부에서 야생동물로부터의 인수공통전염병 위험 Risk of zoonotic diseases from wildlife in the south of Vietnam	Hi (Nong Lam University)
태국에서 진드기 및 진드기 매개 리케차와 파이로플라즈마병에 대한 최신 연구현황 Recent ticks and tick-borne rickettsia and piroplasm studies in Thailand	Mo (Chulalongkorn University)
인도네시아에서의 참진드기 분포와 진드기 매개 병원체의 잠재적 숙주 Distribution of Ixodid ticks and potential vectors of tick-borne pathogens in Indonesia	An (Universitas Gadjah Mada)
필리핀에서 반추동물과 개로부터 진드기매개병원체의 분자학적 검출 Molecular detection of tick-borne pathogens of large ruminants and dogs in Southern Luzon Island of the Philippines	la (University of the Philippines Los Banos)
대만의 개 바베시아병 Canine babesiosis in Taiwan	Sh (National Taiwan University)
파키스탄의 진드기 및 진드기매개질병 An overview of ticks and tick-borne (Zoonotic) diseases in Pakistan	Mu (University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore)

표 22. 한국에서의 신규 진드기매개질병

발표 내용	발표자
한국의 진드기 및 진드기매개질병의 계절적 분포 조사 Seasonal prevalence of tick and tick borne pathogens in Korea	이 (질병관리청)
야생동물에서 진드기매개질병 예찰 Surveillance of tick-borne diseases in wild animals	정 (국립야생동물질병관리원)
동물에서의 중증열성혈소판감소증후군 연구 Investigation of severe fever with thrombocytopenia syndrome infection in animals	강 (농림축산검역본부)
중증열성혈소판감소증후군 바이러스의 백신 후보 개발 Vaccine candidates development for severe fever with thrombocytopenia syndrome virus	강 (전북대학교)
진드기매개병원체에 대한 분자학적 분석 Molecular analysis of tick-borne pathogens in ticks	류 (서울대학교)
최근의 신규 진드기매개질병 발생 Recent emerging tick-borne diseases	채 (서울대학교)

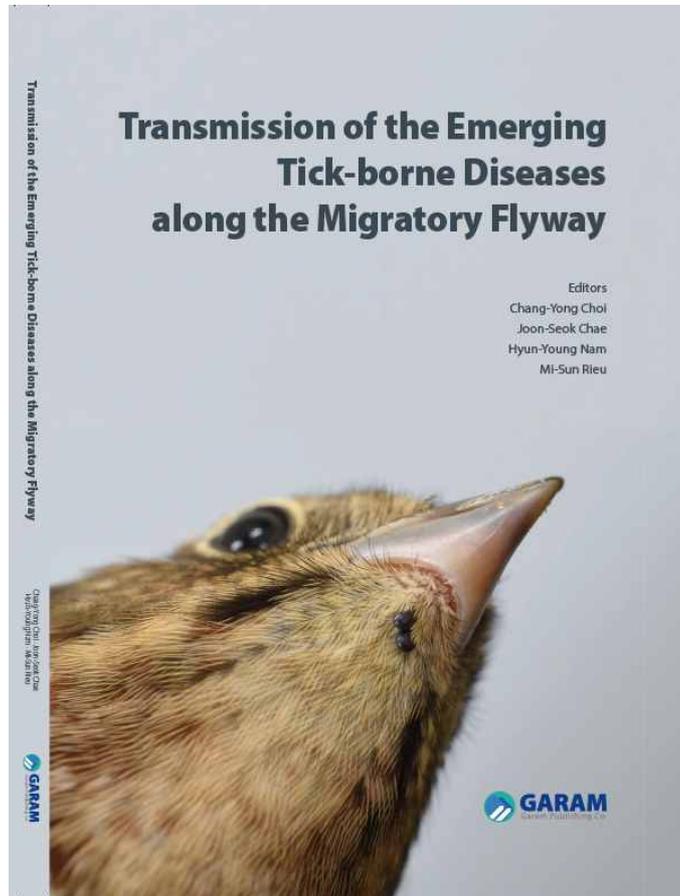


그림 108. 심포지엄 개최 기념으로 발표한 단행본 도서.



그림 109. 2023 SNU 국제심포지엄 현수막.

뉴스데스크 현인아

[단독] '살인진드기' 바이러스 철새에서 첫 발견, 방역망 뚫고 퍼지나?

입력 2023-06-08 20:25 | 수정 2023-06-08 21:02



뉴스투데이 현인아

[기후환경 리포트] 하늘에서 바이러스가 후두둑, 신종 전염병의 공습

입력 2023-06-26 07:40 | 수정 2023-06-26 14:10



그림 110. 본 심포지엄의 발표내용을 다룬 MBC 뉴스데스크 기사 (2023.06.08., 2023.06.26. 방송).



그림 111. 귀빈 기념사진촬영 (위), 전문가 강연(가운데), 단체 기념사진 촬영 (아래).

(3) 제2차 국제협력워크숍

과제기간 중 각국의 철새의 진드기 감염률에 대한 조사 성과를 발표하고, 동아시아 지역 공동조사 네트워크를 지속과 향후 공동연구방향을 토의하기 위해 2023년 10월 28일부터 11월 3일까지 4개국 19명을 초청하여 인천 국립생물자원관과 대청도 서울대학교 현지조사지에서 워크숍을 개최하였다(표 23, 그림 112-113).

표 23. 제2차 국제협력 워크숍 발표 목록.

발표 내용	발표자
과제 진행상황 및 향후 연구방향 소개: 진드기를 중심으로 한 국내 철새 외부기생충의 전파 위험 모니터링	서 연구원 (서울대학교)
한국의 산새류 이동연구 현황 및 연구체계	허 센터장 (국립생물자원관)
홍콩의 가락지부착조사연구 현황	Ms. An (HKBWS, Hong Kong)
일본 홋카이도의 산새류 이동연구와 진드기 발생현황	Prof. Sh (Tokai University)
몽골의 산새류 가락지부착조사 현황	Mr. Ba (WSCC, Mongolia)
국립공원의 산새류 장기생태연구 체계 및 현황 소개	조 연구원 (국립공원관리공단)



그림 112. 제2차 국제워크숍 현수막.

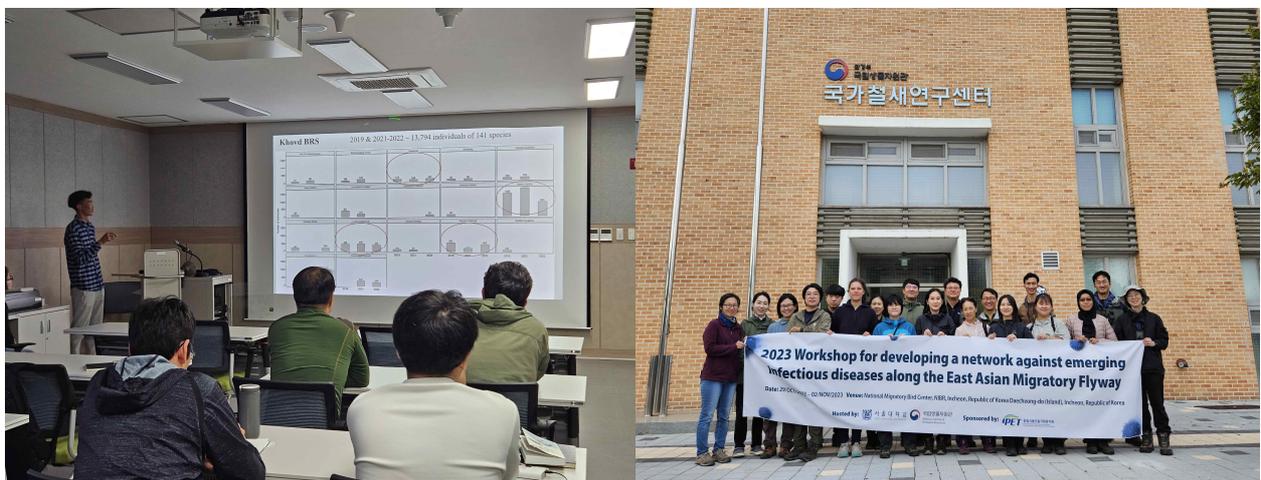


그림 113. 각국의 소형산새류 이동조사체계 강연(왼쪽), 행사 기념촬영(오른쪽).

3) 국내외 참진드기 시료 확보

국내 참진드기 중 1,497마리 참진드기 및 504개의 비장·혈액을 협조된 6개 야생동물센터로부터 2022년 7월 11일부터 2023년 11월 17일 동안 총 36회에 걸쳐 제공받았다(표 24).

표 24. 야생동물센터로부터 수집된 국내 참진드기 시료의 채집기간 및 수령일자

센터명	시료 제공 횟수(회)	시료 수령 일자
강원도 야생동물센터	2	2022.07.28. / 2022.09.16
경기도 야생동물구조관리센터	8	2022.09.20. / 2022.10.20.
		2023.04.19. / 2023.04.27.
		2023.05.25. / 2023.06.21. 2023.07.24. / 2023.09.13
경기북부 야생동물구조관리 센터	3	2022.07.11. / 2022.08.03. 2023.11.09.
충북야생동물센터	6	2022.11.09. / 2023.01.31.
		2023.05.03. / 2023.08.02.
		2023.10.11. / 2023.10.26
울산 야생동물구조관리센터	15	2022.08.09. / 2022.09.01.
		2022.10.06. / 2022.11.03.
		2022.12.01. / 2023.02.15.
		2023.03.02. / 2023.04.04.
		2023.05.09. / 2023.06.01.
		2023.06.30. / 2023.07.02. 2023.08.31. / 2023.10.06. 2023.11.17
부산 낙동강하구에코센터	2	2022.09.28. / 2023.03.23
합 계	36	-

국내 조류와 포유류에서 포획조사에서 수집된 참진드기 541마리는 2022년 4월 28일부터 2023년 11월 1일까지 대청도, 제주도, 경기도 일대, 흑산도, 화성에서 직접 조류 및 포유류를 포획하여 채집하였으며, 채집 기간 및 수령 일자는 다음과 같다(표 25).

표 25. 국내 조류로부터 채집한 참진드기의 채집기간 및 수령 일자

채집지	참진드기 채집 기간	포획조사
제주도	2022.02.23. - 2022.02.24.	조류
점봉산	2022.07.27. - 2022.07.28.	조류
경기도 일대	2022.07.22. - 2022.11.27.	포유류
대청도	2022.04.28. - 2023.11.01.	조류
흑산도	2023.03.19. - 2023.05.25.	조류
화성	2023.03.31. - 2023.05.25.	조류
태화산	2023.06.08.	조류
소청도	2023.10.29. - 2023.10.30.	조류
경기도 일대	2022.07.22. - 2022.11.27.	조류

국내외 철새 서식지에서 드래깅을 통해 수집된 참진드기 13,581개체를 수집하였다. 국내에서는 강원도 점봉산, 전남 흑산도, 인천 대청도, 충남, 신진도, 경기도 태화산에서 직접 채집하였으며, 국외에서는 몽골, 일본, 홍콩에서 2022년 7월 20일부터 2023년 11월 23일까지 수집하였다. 국외 참진드기는 직접 드래깅(dragging)을 통해 채집하거나 협력기관으로부터 공유받았다.

표 26. 국내외 철새 서식지에서 시기별 드래깅(dragging) 조사 기간 및 면적

시기구분	일시	장소	dragging 총면적
번식기	2022.07.27. ~ 2022.07.28.	강원도 점봉산	1,500m ²
가을철이동	2022.09.21. ~ 2022.09.24.	전라남도 흑산도	1,800m ²
가을철이동	2022.10.15. ~ 2022.10.23.	인천 대청도	750m ²
가을철이동	2022.08.15.	몽골	750m ²
봄철이동	2023.03.18. ~ 2023.03.19.	전라남도 흑산도	750m ²
봄철이동	2023.03.08. ~ 2023.03.9.	홍콩	750m ²
봄철이동	2023.04.23. 2023.5.27.	일본	1,500m ²
봄철이동	2023.05.15.	충남 신진도	750m ²
봄철이동	2023.5.15.	인천 대청도	750m ²
봄철이동	2023.4.22. ~ 2023.06.09.	몽골	405m ²
번식기	2023.6.8.	경기도 태화산	750m ²
번식기	2023.06.26. 2023.07.27.	일본	1,500m ²
가을철이동	2023.08.31. 2023.09.30. 2023.10.26.	일본	2,250m ²
가을철이동	2023.11.09. 2023.11.23.	홍콩	750m ²

국외 숙주에서 수집한 참진드기 7,206마리는 9개 국가 10개 지역에서 수집되었다. 태국, 필리핀, 베트남 하노이, 인도네시아, 파키스탄, 대만, 베트남 호치민, 일본, 몽골, 홍콩에서 2019년 9월 7일부터 2023년 11월 22일까지 기존 채집되어있던 참진드기를 협력 기관으로부터 공유받거나 직접 채집하였고, 2023년 6월 7일부터 2023년 6월 9일 동안 개최된 국제심포지엄 기간과 2023년 10월 28일부터 2023년 11월 3일에 개최된 국제 워크숍 기간, 2023년 12월 13일 출장기간에 제공받았다(표 27).

표 27. 국외 참진드기의 채집기간 및 수령일자

국가명	시료 채집 기간	시료 수령 일자
태국	2019.09.07. ~ 2023.01.24.	2022.08.12.
		2023.06.06.
필리핀	2022.07.24. ~ 2023.05.25.	2022.12.06.
		2023.06.06.
베트남(하노이)	2022.12.13. ~ 2023.07.19.	2022.12.19.
		2023.06.06.
인도네시아	2023.02.14. ~ 2023.05.29.	2023.07.22.
		2023.02.25.
파키스탄	2023.02.20. ~ 2023.06.04.	2023.06.06.
		2023.03.20.
대만	2023.03.09. ~ 2023.05.31.	2023.06.06.
		2023.05.02.
베트남(호치민)	2023.07.17. ~ 2023.08.15.	2023.07.22.
		2023.09.05.
일본	2023.04.22. ~ 2023.10.26.	2023.07.19.
		2023.10.28.
몽골	2022.08.13. ~ 2023.10.01.	2023.01.13.
		2023.07.19.
홍콩	2023.03.07. ~ 2023.11.22.	2023.10.28.
		2023.07.19.
		2023.12.13.

2023년 12월 14일 기준으로 국내·외 시료 수집 현황은 다음과 같다.

(1) 총 시료 확보 현황 (표 28)

표 28. 과제 기간 중 총 시료 확보 현황(국내·외)

시료 종류	채집 지역		합계
	국내	국외	
참진드기	9,023	13,803	22,826
혈액	490	-	490
비장	104	-	104
합계	9,617	13,803	23,420

* -: 미수집

가. 전국 야생동물구조센터

협조된 국내야생동물 구조센터 6곳으로부터 수집된 참진드기의 동정 현황은 다음과 같다(표 29). 부산야생동물센터에서는 수집된 참진드기가 0건이므로 제외하였다. 총 5종 (*Haemaphysalis longicornis*, *H. flava*, *Ixodes scapularis*, *I. nipponensis*, *Amblyomma testudinarium*)의 참진드기가 수집되었으며, 각 종별로 *H. longicornis* 1,121마리, *H. flava* 207마리, *I. scapularis* 5마리, *I. nipponensis* 28마리, *Amblyomma testudinarium* 25마리이며 *Haemaphysalis* spp. 91마리, *Ixodes* spp. 19마리 그리고 *Amblyomma* spp. 1마리로 총 1,497마리가 채집되었다.

각 지역 별로는 강원도 608마리, 경기북부 45마리, 경기도 156마리, 울산 419마리 그리고 충북에서 269마리가 채집되었다.

표 29. 야생동물 구조센터로부터 수집된 국내 참진드기 종 동정 결과

참진드기 구분		강원		경기북부		경기		울산		충북		합계		
참진드기 종	발육 단계	성별	포유류	조류	포유류	조류	포유류	조류	포유류	조류	기타		포유류	조류
<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	356	28	35	-	79	1	143	20	-	94	-	756
		♂	56	1	1	-	-	-	20	-	-	22	-	100
	약충	-	75	10	6	-	17	8	36	40	-	73	-	268
	소계		487	39	42	0	96	9	199	60	0	189	0	1,121
<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	13	1	-	-	7	-	14	-	-	29	-	64
		♂	8	-	-	-	-	-	7	1	-	14	-	30
	약충	-	12	2	-	-	32	-	6	51	-	10	-	113
	소계		33	3	0	0	39	0	27	52	0	53	0	207
<i>Haemaphysalis</i> spp.	성충	♀	8	-	3	-	1	-	1	-	-	-	-	13
		♂	-	4	19	-	-	-	-	9	8	-	-	-
	유충	-	-	-	-	-	1	-	22	13	1	1	-	38
	소계		12	19	3	0	2	0	32	21	1	1	0	91
<i>Ixodes scapularis</i>	성충	♀	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1	-	2
		♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	2
	약충	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
	소계		0	0	0	0	0	0	1	1	0	3	0	5
<i>Ixodes nipponensis</i>	성충	♀	-	-	-	-	4	-	10	-	-	-	-	14
		♂	-	-	-	-	1	-	8	-	-	-	-	9
	약충	-	-	-	-	-	-	3	-	-	2	-	-	5
	소계		0	0	0	0	5	3	18	0	2	0	0	28
<i>Ixodes</i> spp.	성충	♀	2	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	4
		♂	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	약충	-	12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	12
	유충	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	2
소계		15	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0	19	
<i>Amblyomma testudinarium</i>	성충	♀	-	-	-	-	-	-	1	-	-	10	-	11
		♂	-	-	-	-	-	-	1	-	-	12	-	13
	약충	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1
	소계		0	0	0	0	0	0	3	0	0	22	0	25
<i>Amblyomma</i> spp.	유충	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
	소계		-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
합계			547	61	45	0	144	12	280	136	3	269	0	1,497

* ♀, 암컷; ♂, 수컷; -, 미채집.

나. 국내지역에서 직접 포획조사

국내에서 조류 및 포유류 포획조사를 통해 수집된 참진드기의 동정 현황은 다음과 같다(표 30). 총 7종(*H. longicornis*, *H. flava*, *H. concinna*, *H. formosensis*, *I. nipponensis*, *I. turdus*, *I. persulcatus*)의 참진드기가 채집되었으며, 각 종별로 *H. longicornis* 83마리, *H. flava* 31마리, *H. concinna* 39마리, *H. formosensis* 2마리, *I. nipponensis* 11마리, *I. turdus* 21마리, *I. persulcatus* 2마리, *H. spp.* 149마리, *I. spp.* 44마리, 미동정 159마리로 총 541마리가 채집되었다.

각 지역별로는 대청도 225마리, 제주도 10마리, 점봉산 2마리, 흑산도 64마리, 화성 2마리, 태화산 2마리, 소청도 2마리 그리고 경기도 일대에서 234마리가 채집되었다.

표 30. 국내 철새 및 포유류에서 수집한 참진드기 종 동정 결과

참진드기 종	참진드기 구분	발육 단계	성별	대청도	제주도	점봉산	흑산도	화성	태화산	소청도	경기도 일대	합계
				조류	조류	조류	조류	조류	조류	조류	포유류	
<i>H. concinna</i>	약충			38	-	-	1	-	-	-	-	39
	성충	♀		-	-	-	-	-	-	-	2	2
<i>H. flava</i>			♂	-	-	-	-	-	-	-	1	1
	약충			15	3	-	2	-	1	1	6	28
	소계			15	3	0	2	0	1	1	9	31
<i>H. formosensis</i>	약충			-	-	-	2	-	-	-	-	2
	성충	♀		-	-	-	-	-	-	-	8	8
<i>H. longicornis</i>			♂	-	-	-	-	-	-	-	8	8
	약충			12	-	-	4	-	-	-	51	67
	소계			12	0	0	4	0	0	0	67	83
<i>Haemaphysalis spp.</i>	약충			1	-	-	-	-	-	-	-	1
	유충			143	-	-	5	-	-	-	-	148
	소계			144	0	0	5	0	0	0	0	149
<i>I. nipponensis</i>	성충	♀		-	-	-	-	-	-	-	1	1
		♂		-	-	-	-	-	-	-	1	1
	약충			6	-	-	1	2	-	-	-	9
	소계			6	0	0	1	2	0	0	2	11
<i>I. persulcatus</i>	약충			-	-	-	1	-	-	1	-	-
	성충	♀		4	1	-	1	-	-	1	-	7
<i>I. turdus</i>	약충			1	4	-	9	-	-	-	-	14
	소계			5	5	0	10	0	0	1	0	21
<i>Ixodes spp.</i>	약충			2	-	-	1	-	-	-	-	3
	유충			3	2	1	35	-	-	-	-	41
	소계			5	2	1	36	0	0	0	0	44
미동정	성충			-	-	-	-	-	-	-	1	1
	약충			-	-	-	-	-	-	-	1	1
	유충			-	-	-	-	-	-	-	154	154
	미동정			-	-	-	3	-	-	-	-	3
	소계			0	0	0	3	0	0	0	156	159
합 계				225	10	2	64	2	2	2	234	541

H: *Haemaphysalis*, I: *Ixodes*, ♀: 암컷, ♂: 수컷, -: 미채집

다. 국내외 철새 서식지에서 드래깅(Dragging)을 통한 참진드기 수집

국내 5개 지역과 국외 3개 지역에서 드래깅(Dragging)을 통해 수집된 참진드기의 동정 현황은 다음과 같다(표 31). 국내에서는 총 3종(*H. flava*, *H. longicornis*, *I. nipponensis*)의 진드기가 채집되었으며, 각 종별로 *H. flava* 23마리, *H. longicornis* 1,078마리, *I. nipponensis* 8마리, *Dermacentor* ssp. 27마리, *H. spp.* 11,343마리, *I. spp.* 251마리, 미동정 2마리로 총 13,581마리가 채집되었다.

몽골, 일본, 홍콩에서 수집된 진드기는 총 8종(*H. formosensis*, *H. hystrieis*, *H. longicornis*, *H. megaspinosa*, *I. nipponensis*, *I. ovatus*, *I. pavlovskyi*, *I. persulcatus*)의 진드기가 채집되었다. 국가별로 몽골에서는 27마리가 채집되었고, 일본에서는 6,356마리가 채집되었다. 홍콩에서는 213마리가 채집되었다.

표 31. 국내외 철새서식지에서 수집한 참진드기 종 동정 결과

참진드기 구분		대청도	신진도	점봉산	태화산	흑산도	몽골	일본	홍콩	합계
참진드기 종	발육 단계 성별	서식지	서식지	서식지	서식지	서식지	서식지	서식지	서식지	
<i>Dermacentor</i> ssp	성충 ♀	-	-	-	-	-	17	-	-	17
	♂	-	-	-	-	-	10	-	-	10
	소계	0	0	0	0	0	27	0	0	27
<i>H. flava</i>	성충 ♀	-	1	-	-	2	-	-	-	3
	♂	-	2	-	-	1	-	-	-	3
	약충	-	11	-	3	3	-	-	-	17
	소계	0	14	0	3	6	0	0	0	23
<i>H. formosensis</i>	약충	-	-	-	-	-	-	-	14	14
<i>H. hystrieis</i>	성충 ♂	-	-	-	-	-	-	-	2	2
	약충	-	-	-	-	-	-	-	31	31
	소계	0	0	0	0	0	0	0	33	33
<i>H. longicornis</i>	A ♀	-	-	-	2	33	-	5	-	40
	♂	-	-	1	-	13	-	-	-	14
	약충	2	5	19	13	990	-	19	-	1,048
	소계	2	5	20	15	1,036	0	24	0	1,102
<i>H. megaspinosa</i>	성충 ♀	-	-	-	-	-	-	51	-	51
	♂	-	-	-	-	-	-	85	-	85
	약충	-	-	-	-	-	-	564	-	564
	소계	0	0	0	0	0	0	700	0	700
<i>Haemaphysalis</i> ssp	약충	-	-	-	-	-	-	2	-	2
	유충	-	-	82	3	5,785	-	5,305	166	11,341
	소계	0	0	82	3	5,785	0	5,307	166	11,343
<i>I. nipponensis</i>	성충 ♀	-	-	-	1	1	-	6	-	8
	♂	-	-	-	-	-	-	6	-	6
	약충	-	-	5	1	-	-	3	-	9
	소계	0	0	5	2	1	0	15	0	23
<i>I. ovatus</i>	성충 ♀	-	-	-	-	-	-	24	-	24
	♂	-	-	-	-	-	-	19	-	19
	소계	0	0	0	0	0	0	43	0	43
<i>I. pavlovskyi</i>	성충 ♀	-	-	-	-	-	-	1	-	1
	약충	-	-	-	-	-	-	1	-	1
	소계	-	-	-	-	-	-	2	-	2
<i>I. persulcatus</i>	성충 ♀	-	-	-	-	-	-	2	-	2
	♂	-	-	-	-	-	-	3	-	3
	약충	-	-	-	-	-	-	13	-	13
	소계	0	0	0	0	0	0	18	0	18
<i>Ixodes</i> ssp	유충	-	-	2	-	2	-	247	-	251
미동정	유충	-	-	2	-	-	-	-	-	2
합계		2	19	111	23	6,830	27	6,356	213	13,581

*D: *Dermacentor*, H: *Haemaphysalis*, I: *Ixodes*, ♀: 암컷, ♂: 수컷, -: 미채집

라. 국외지역 포획을 통한 참진드기 수집

국외 10개 지역으로부터 수집된 참진드기의 동정 현황은 다음과 같다(표 32). 총 15종 (*Haemaphysalis bispinosa*, *H. flava*, *H. hystricis*, *H. megaspinosa*, *I. nipponensis*, *I. granulatus*, *I. persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *I. turdus*, *Amblyomma varanense*, *A. gervaisi*, *A. javanense*, *Rhipicephalus microplus*, *R. samgineus*, *Hyalomma anatolicum*)의 참진드기가 채집되었으며, 각 종별로 *H. bispinosa* 1,147마리, *H. flava* 7마리, *H. hystricis* 124마리, *H. megaspinosa* 65마리, *I. nipponensis* 3마리, *I. pavlovskyi* 15마리, *I. persulcatus* 219마리, *I. granulatus* 1마리, *I. turdus* 1마리, *Amblyomma varanense* 176마리, *A. gervaisi* 97마리, *A. javanense* 7마리, *Rhipicephalus microplus* 1,730마리, *R. samgineus* 1,172마리, *Hyalomma anatolicum* 524마리이며 *H. spp.* 925마리, *I. spp.* 830마리, *A. spp.* 12마리, *R. spp.* 130마리, *Hy. spp.* 8마리, 미동정 12마리로 총 7,206마리가 채집되었다. 국가별 참진드기는 태국 393마리, 필리핀 993마리, 베트남(하노이, 호치민) 557마리, 일본 1,645마리, 몽골 413마리, 인도네시아 1,539마리, 파키스탄 1,347마리, 대만 315마리, 홍콩 11마리가 채집되었다.

표 32. 국외지역에서 채집된 참진드기 종 동정 결과

참진드기 구분	태국	필리핀	베트남		일본	몽골	인도네시아	파키스탄	대만	홍콩	합계							
			하노이	호치민														
참진드기 종	발육 단계	성별	포유류	가타	포유류	가타	포유류	조류	조류	포유류	조류	파충류	가타	포유류	포유류	가타	조류	
<i>Dermacentor</i> spp.	성충	♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	성충	♀	25	-	-	-	-	4	-	-	438	1	-	70	-	-	-	538
		♂	29	-	-	-	-	1	-	-	282	4	-	42	-	-	-	358
<i>H. bispinosa</i>	약충		44	-	-	-	-	53	-	-	70	75	-	8	-	-	-	250
	유충		-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	소계		98	0	0	0	0	59	-	1	790	80	0	120	0	0	0	1,148
<i>H. flava</i>	약충		7	-	-	-	-	-	7	-	-	-	-	-	-	-	-	7
<i>H. hystricis</i>	성충	♀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	97	3	100
		♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13	1	14
	약충		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	3	4
	소계		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	113	7	124
<i>H. megaspinosa</i>	약충		-	-	-	-	-	-	65	-	-	-	-	-	-	-	-	65
	성충	♀	1	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	-	-	-	-	6
		♂	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	5	-	-	-	-	6
<i>Haemaphysalis</i> spp.	약충		-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	2
	유충		-	-	-	-	-	-	903	-	-	-	2	-	-	-	-	4
	소계		1	0	0	0	0	0	904	2	0	10	0	2	0	0	0	925
<i>I. nipponensis</i>	약충		-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	3
<i>I. granulatus</i>	성충	♀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
<i>I. pavlovskyi</i>	약충		-	-	-	-	-	-	15	-	-	-	-	-	-	-	-	15
	성충	♀	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	2
<i>I. persulcatus</i>	약충		-	-	-	-	-	-	99	118	-	-	-	-	-	-	-	217
	소계		0	0	0	0	0	0	15	2	0	0	0	0	0	0	0	17
<i>I. turdus</i>	약충		-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Ixodes</i> spp.	약충		-	-	-	-	-	-	22	33	-	-	-	-	-	-	-	1
	유충		-	-	-	-	-	-	517	257	-	-	-	-	-	-	-	774
	소계		0	0	0	0	0	0	539	290	0	0	0	0	0	0	0	830
	성충	♀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	35	8	-	-	-	43
		♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83	15	-	-	-	98
<i>A. varanense</i>	약충		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	34	-	-	-	-	34
	유충		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1
	소계		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	153	23	0	0	0	176
	성충	♀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	25	10	-	-	-	35
		♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	48	11	-	-	-	59
<i>A. gervaisi</i>	유충		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	3
	소계		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	76	21	0	0	0	97
	성충	♀	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
		♂	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>A. javanense</i>	유충		-	-	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
	소계		0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7
<i>Amblyoma</i> spp.	유충		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	12	-	-	-	-	12
	성충	♀	143	1	470	-	89	-	11	-	-	98	-	-	26	313	-	1,151
		♂	70	1	267	-	14	-	-	-	-	11	-	-	2	147	-	512
<i>R. microplus</i>	유충		23	-	-	-	4	-	1	-	-	-	-	4	31	-	-	63
	약충		4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4
	소계		240	2	737	0	107	0	12			109	0	0	32	491	0	1,730

<i>R. sanguineus</i>	성충 ♀	9	-	85	6	101	9	6	-	-	34	-	-	-	187	120	-	-	557
	♂	14	-	77	10	154	-	3	-	-	34	-	-	-	122	74	-	-	488
	약충	-	-	4	-	65	-	-	-	-	43	-	-	-	15	-	-	-	127
	소계	23	0	166	16	320	9	9	0	0	92	0	0	19	324	194	0	0	1,172
<i>Rhipicephalus</i> spp.	성충 ♀	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8
	♂	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	약충	9	-	67	6	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83
	유충	5	-	-	-	-	29	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	38
소계	22	0	65	9	1	29	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	130
<i>Hy. anatolicum</i>	성충 ♀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	250	-	-	-	250
	♂	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	203	-	-	-	203
	유충	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	71	-	-	-	71
	소계	0	0	0	0	0	0	0			0	0	0	0	524	0	0	0	524
<i>Hyalomma</i> spp.	유충	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	-	-	6
	약충	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	2
	소계	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	8
미동정	-	-	-	-	-	-	-	12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	12
총계		391	2	971	22	435	38	84	1,645	413	1,010	90	241	198	1,347	308	7	11	7,206

*D: Dermacentor, H: Haemaphysalis, I: Ixodes, A: Amblyomma, R: Rhipicephalus, Hy: Hyalomma, ♀: 암컷, ♂: 수컷, -: 미체
 집, 기타: 플래깅 및 숙주미상

(2) 국내·외 지역에서 수집된 참진드기 종별 동정 자료

참진드기의 분류체계는 그림 114와 같이 Phylum arthropods 절지동물문, Class arachnida 거미강, Order Acari 응애목, Suborder Ixodida 참진드기아목, Family Argasidae 물렁진드기과, Family Ixodidae 참진드기과, Family Nuttallidae로 나뉜다.

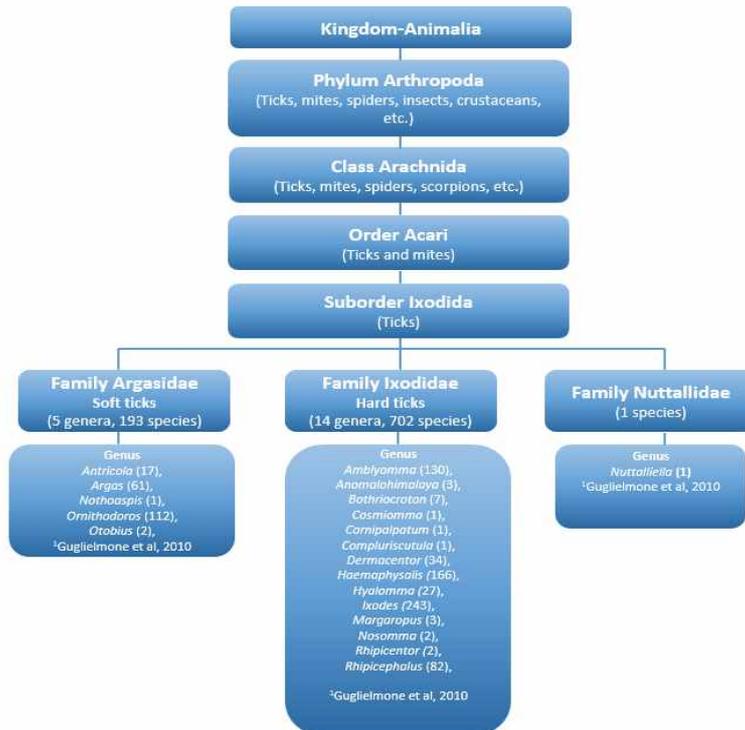


그림 114. 참진드기의 분류체계(Basu and Charles., 2017).

제작된 참진드기 종 동정 자료에 기반하여 참진드기의 동정이 정확하게 진행된다면, NGS 및 PCR 검사 결과 분석시, 특정 종이 우세하게 매개할 수 있는 병원체에 대한 파악이 가능하다. 더불어, 참진드기 채집조사 시, *Rhipicephalus (R.) sanguineus*, *R. microplus* 는 다양한 국가에서 채집되었다. 두 곳 이상의 지역에서 발견된 참진드기에서 병원체가 검출 될 시, 채집 지역 중 해당 병원체가 검출되지 않은 지역이 있다면, 병원체가 매개할 수 있는 질병에 관해 선제적 예방 조치를 시행할 수 있을 것으로 기대된다. 참진드기의 형태학적 동정 결과는 다음과 같다.

○ *Haemaphysalis longicornis* (작은소피참진드기)

Haemaphysalis longicornis(작은소피참진드기)는 강원도, 경기 북부, 경기도, 울산 그리고 충북 야생동물센터로부터 수집되었으며, 고라니, 너구리, 오소리, 횡동새, 쇠백로, 수리부엉이 등에서 채집하였다. 흡혈 성충 암컷 진드기, 비흡혈 성충 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 115). 성충 *H. longicornis*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 33). 배면의 가시돌기(spur)의 경우 첫 번째 절지(coxa)는 원뿔 모양의 가시돌기가 있으며 두 번째 절지는 짧지만 선명한 가시돌기가 존재한다. 순판은 암컷의 경우 반원형으로 몸을 앞, 뒤로 덮혀있다. 또한, 진드기의 몸 옆쪽에 존재하는 기문판은 타원형이나 반원형의 모양을 띄고 있고, 순판 위에 존재하는 목홈은 짧고 곡선형의 모양을 띄고 있는 것이 특징이다.

표 33. 성충 *Haemaphysalis longicornis*(작은소피참진드기)의 형태학적 특징

구조	특징
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지는 뒤쪽에 단단한 원뿔 모양의 가시돌기가 있음. - 두 번째 절지는 짧지만, 선명한 복부 가시돌기가 있음.
순판(Scutum)	- 암컷의 경우 반원형으로 몸을 앞뒤로 덮혀있음.
기문판(Spiracle plate)	- 대체로 타원형이나 반원형임.
목홈(Cervical grooves)	- 짧고, 곡선형임.



그림 115. 흡혈 성충 암컷 *Haemaphysalis longicornis* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단), 비흡혈 성충 수컷 *H. longicornis* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Haemaphysalis flava* (개피참진드기)

Haemaphysalis flava(개피참진드기)는 강원도, 경기도, 울산 그리고 충북 야생동물센터로부터 채집되었으며, 너구리, 독수리, 꿩, 새매, 호랑지빠귀 등에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷, 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 116). 성충 *H. flava*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 34). 무늬가 없는 순판이 있으며 눈이 없는 특징이다. 또한 구기부 위에 있는 두 번째 촉지의 경우 측면으로 뻗어있는 모양이며 배면의 절지를 보면 수컷의 경우 네 번째 절지에 긴 가시돌기가 존재하는 것이 특징이다.

표 34. 성충 *Haemaphysalis flava*(개피참진드기)의 형태학적 특징

구조	특징
눈	- 없음.
촉지(Palp)	- 두 번째 촉지가 측면으로 뻗어있는 모양임.
가시돌기(Spur)	- 수컷의 경우 네 번째 절지가 김.
순판(Scutum)	- 무늬없음.

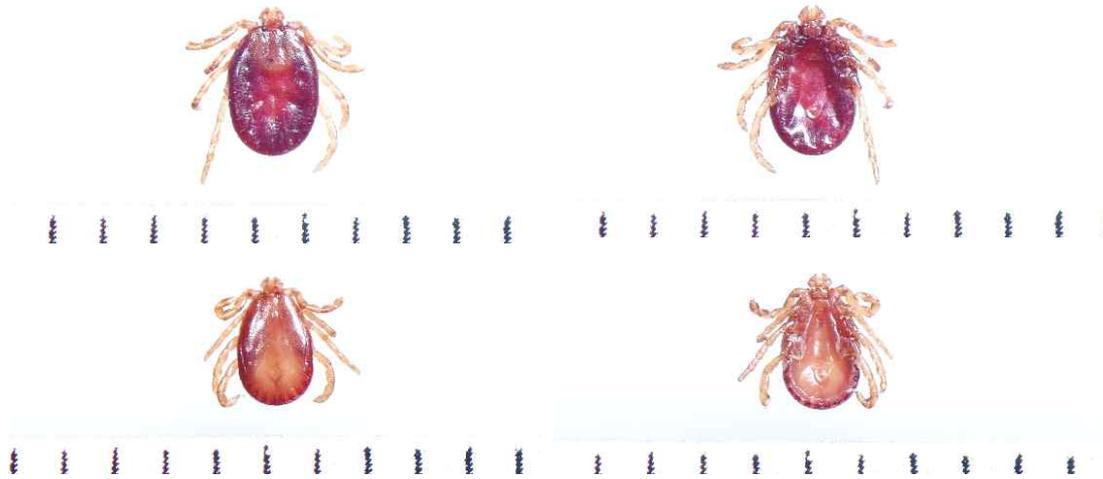


그림 116. 비흡혈 성충 암컷 *Haemaphysalis flava* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *H. flava* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Ixodes nipponensis* (일본참진드기)

Ixodes nipponensis 참진드기는 울산야생동물센터로부터 채집되었으며, 너구리, 고라니, 족새, 노랑눈썹멧새 등에서 채집하였다. 성충 *I. nipponensis*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 35). 먼저 복면 구하체는 옆으로 돌출된 크고 단단한 치아가 존재하며 배면의 가시돌기의 경우 첫 번째 절지의 내측 가시돌기가 외측보다 긴 특징이 있다. 또한 배면의 특징으로는 기문판은 타원형 모양의 네 번째 절지 뒤쪽 표면에 위치하며 생식기는 직선형이며 네 번째 절지에 위치하는 것이 특징이다.

표 35. 성충 *Ixodes nipponensis*(일본참진드기) 형태학적 특징

구조	특징
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지의 내측 가시돌기가 외측 가시돌기보다 김.
구하체(Hypostome)	- 옆으로 돌출된 크고 단단한 치아가 있음.
기문판(Spiracular plate)	- 타원형이며 네 번째 절지 뒤쪽에 위치함.
생식기(Gential opening)	- 직선형이며 네 번째 절지에 위치함.

○ *Amblyomma testudinarium* (몽뚝참진드기)

Amblyomma testudinarium 참진드기는 울산 그리고 충북 야생동물센터로부터 채집되었으며, 고라니, 너구리에서 채집하였다. 성충 *A. testudinarium*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 36). 눈은 순판 측면 가장자리에 있으며 순판은 화려한 무늬가 있는 것이 특징이다. 또한 배면의 첫 번째 절지는 한개의 가시돌기가 존재하며 외측이 내측보다 크며 기문판의 경우 네 번째 가시돌기에 십자 모양으로 존재한다.

표 36. 성충 *Amblyomma testudinarium*(물뚝참진드기) 형태학적 특징

구조	특징
눈	- 순판 측면 가장자리에 위치함.
순판(Scutum)	- 화려한 무늬가 있음.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 다리의 절지에는 한 개의 가시돌기가 존재하며 외측이 내측보다 약간 큼.
기문판(Spiracular plate)	- 네 번째 가시돌기 뒤쪽에 위치하며 십포 모양임.

○ *Ixodes scapularis* (등빨간가슴잎벌레 진드기)

Ixodes scapularis 참진드기는 경기도, 울산, 충북 야생동물센터로부터 채집되었으며, 너구리, 고라니, 노루 소쩍새에서 채집하였다. 성충 *I. scapularis*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 37). 암컷의 경우 복면 측지에 직사각형 모양의 직선형으로 된 여백이 존재한다. 순판의 경우 작고 수많은 반점들이 고르게 분포되어 있으며 배면 첫 번째 절지에 짧고 굴곡지며 연장된 가시돌기가 존재하는 특징이 있다.

표 37. 성충 *Ixodes scapularis*(등빨간가슴잎벌레 진드기) 형태학적 특징

구조	특징
촉지(Palp)	- 암컷의 경우 직사각형의 직선형 여백이 있음.
순판(Scutum)	- 순판 위에 작고 수많은 반점들이 고르게 분포되어 있음.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지에 짧고 굴곡지며 연장된 가시돌기가 있음.

○ *Amblyomma javanense*

Amblyomma javanense 참진드기의 채집국가는 베트남이며 천산갑으로부터 채집하였다. 흡혈한 성충 암컷 진드기와 비흡혈 성충 수컷 진드기의 배면과 복면은 아래와 같다(그림 117). 성충 *A. javanense*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 38). 눈은 납작하고 희미하게 존재하며 순판의 경우 패턴이 없는 하트모양을 띄고 있다. 또한 배면 가시돌기를 보면 첫 번째 절지는 두 개로 분리된 뚱뚱한 가시돌기가 있으며 두 번째, 세 번째 절지에는 짧고 뚱뚱한 가시돌기가 존재하며 네 번째 절지에는 짧고 뾰족한 가시돌기가 있는 것이 특징이다.

표 38. 성충 *Amblyomma javanense* 형태학적 특징

구조	특징
눈	- 납작하고 희미함.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지에 두 개로 분리된 뚱뚱한 가시돌기가 존재함. - 두 번째, 세 번째 절지에 짧고 뚱뚱한 가시돌기가 존재함. - 네 번째 절지에 짧고 뾰족한 가시돌기가 존재함.
순판(Scutum)	- 패턴이 없는 하트모양임.
기문판(Spiracle plate)	- 길쭉한 십포 모양임.

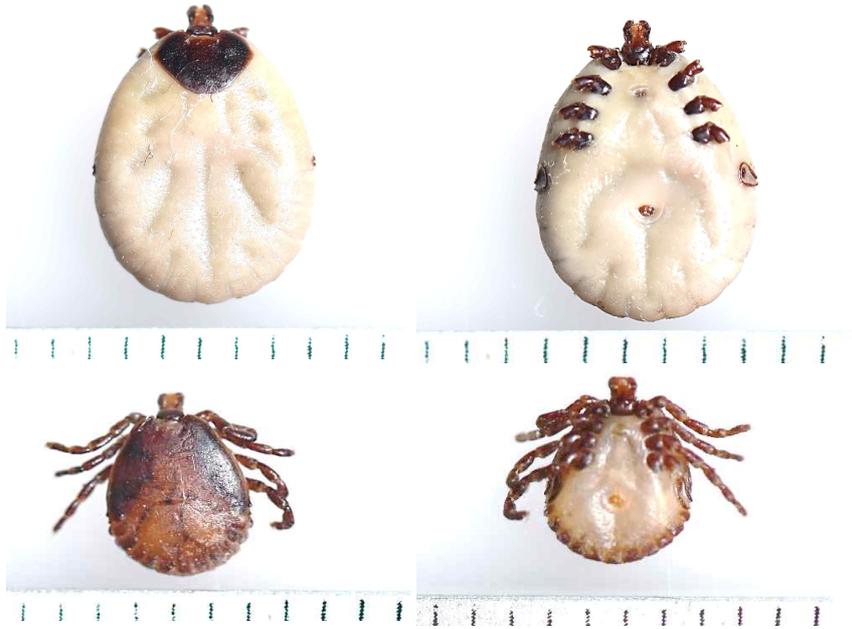


그림 117. 흡혈 성충 암컷 *Amblyomma javanense*의 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *A. javanense*의 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Haemaphysalis bispinosa* (가시들피참진드기)

Haemaphysalis bispinosa 참진드기의 채집국가는 태국, 베트남, 인도네시아이며 소, 양, 닭, 개에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷 진드기, 비흡혈 성충 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 118). 성충 *H. bispinosa*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 39). 복면 화채의 경우 암컷이 수컷보다 2배 정도 넓은 크기를 가지고 있다. 순판은 무늬가 없으며 배면의 가시돌기의 경우 각 절지마다 돌출부가 존재하는데 특히 첫 번째 절지에 큰 돌출부가 있으며 세 번째 측지에는 넓은 삼각형 모양의 가시돌기가 존재하는 것이 특징이다. 기문판의 경우 수컷은 타원형, 암컷은 원형의 모양을 가지고 있다.

표 39. 성충 *Haemaphysalis bispinosa*(가시들피참진드기) 형태학적 특징

구조	특징
화채(Festoon)	- 암컷의 화채가 수컷보다 2배정도 넓은 크기를 가짐.
가시돌기(Spur)	- 각 절지마다 돌출부가 있으며 첫 번째 절지에 큰 돌출부가 있음. - 세 번째 측지에 넓은 삼각형의 모양의 가시돌기가 있음.
순판(Scutum)	- 무늬 없음.
기문판(Spiracle plate)	- 수컷의 경우 타원형, 암컷의 경우 원형임.

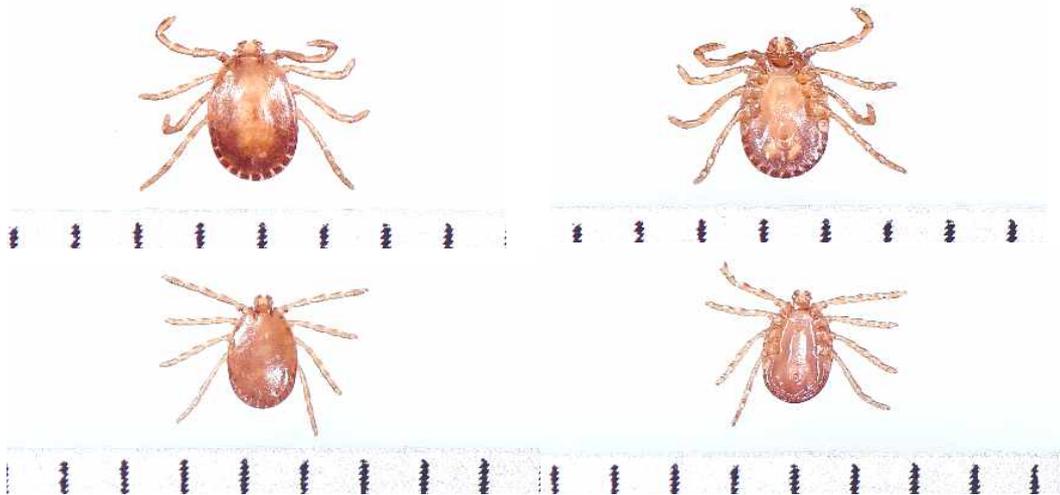


그림 118. 비흡혈 성충 암컷 *Haemaphysalis bispinosa* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *H. bispinosa* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Amblyomma varanense*

Amblyomma varanense 참진드기의 채집국가는 인도네시아이며, 그물무늬비단뱀, 물왕도마뱀에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷, 비흡혈 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 119). *A. varanense*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 40). 복면의 화채는 11개의 구역으로 존재하며 순판에는 *A. gervaisi*와는 다르게 2~3개의 금녹색 모양이 있다. 배면을 보면 수컷의 경우 세 번째, 네 번째 절지에 가시돌기가 있으며 향문판의 경우 암컷은 원형, 수컷은 타원형의 모양을 띈다.

표 40. 성충 *Amblyomma varanense*의 형태학적 특징

구조	특징
화채(Festoon)	- 11개 구역으로 존재함.
가시돌기(Spur)	- 수컷의 경우 다리 세 번째, 네 번째 절지에 가시돌기가 존재함.
순판(Scutum)	- 2~3개의 금녹색의 모양이 존재함.
생식공(Genital aperture)	- 원형의 가까운 형태임.
향문판(Anal plate)	- 암컷의 경우 원형, 수컷의 경우 타원형을 띈다.

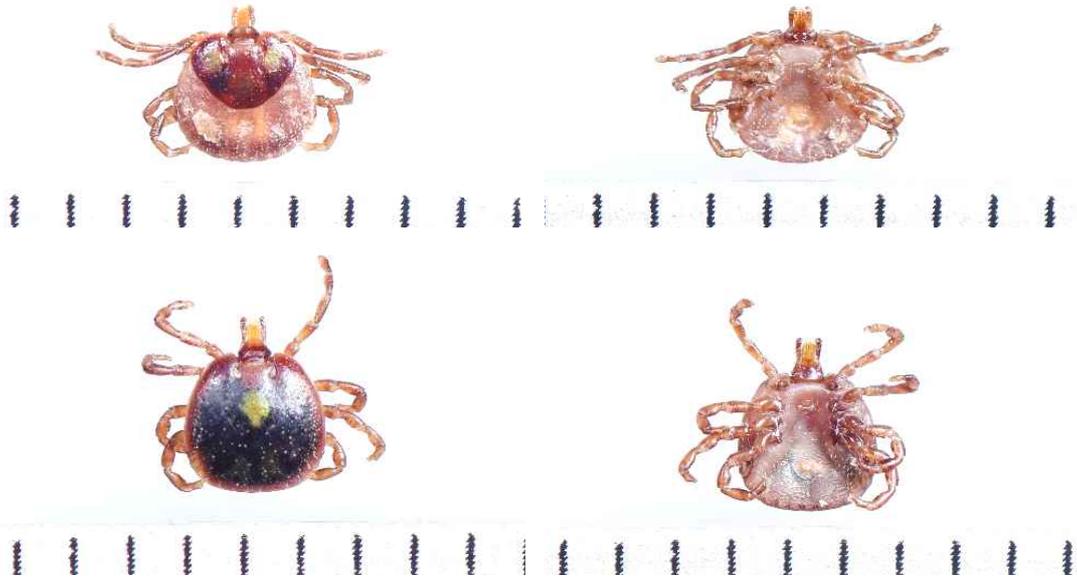


그림 119. 비흡혈 성충 암컷 *Amblyomma varanense* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *A. varanense* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단).

○ *Amblyomma gervaisi*

Amblyomma gervaisi 침진드기의 채집국가는 인도네시아이며 그물무늬비단뱀, 물왕도마뱀에서 채집하였다. 흡혈 성충 암컷 진드기와 비흡혈 성충 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 120). *A. gervaisi*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 41). 순판의 경우 암컷은 3개의 하얀색을 띄는 모양이 있으며, *A. varanense* 보다 살짝 큰 편이다. 수컷의 경우 하얀색을 띄는 여러 모양이 순판 위에 존재한다. 배면을 보면 첫 번째 절지는 두 개의 넓고 평평한 가시돌기가 존재하며 외측이 내측보다 약간 길다. 두 번째, 세 번째 절지는 짧고 평평한 한 개의 가시돌기가 있으며 네 번째 절지에는 삼각형 모양의 뾰족한 모양이 존재한다.

표 41. 성충 *Amblyomma gervaisi*의 형태학적 특징

구조	특징
가시돌기(Spur)	<ul style="list-style-type: none"> - 첫 번째 절지는 두 개의 넓고 평평한 가시돌기가 존재하며 외측이 내측 보다 약간 김 - 두 번째, 세 번째 절지는 짧고 평평한 한 개의 가시돌기가 있음 - 네 번째 절지는 삼각형 모양의 뾰족한 모양임
순판(Scutum)	<ul style="list-style-type: none"> - 암컷의 경우 3개의 하얀색을 띄는 모양이 있으며, <i>A. varanense</i> 보다 살짝 더 큼 - 수컷의 경우 하얀색을 띄는 여러 모양이 존재함
생식공(Genital aperture)	<ul style="list-style-type: none"> - 암컷의 경우 원형, 수컷의 경우 타원형 모양임

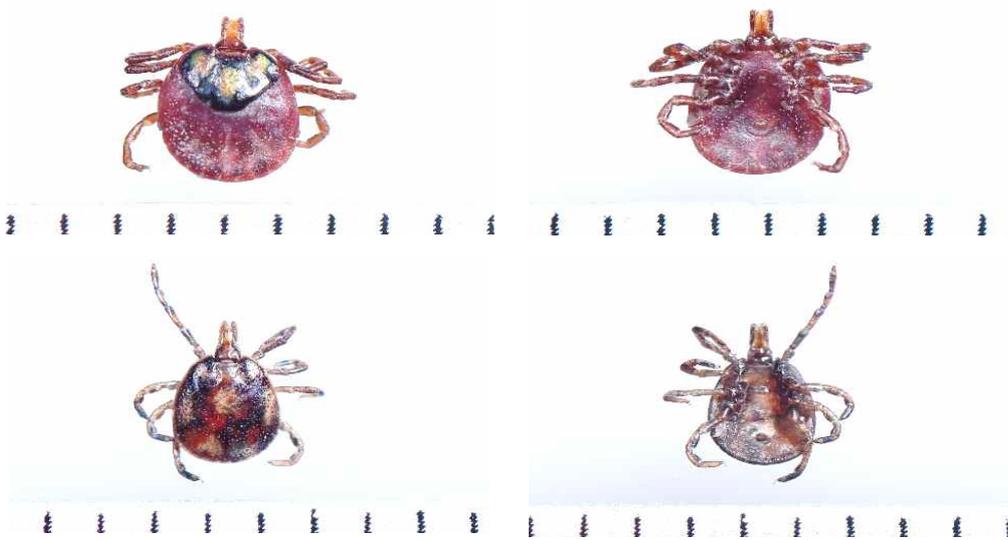


그림 120. 흡혈 성충 암컷 *Amblyomma gervaisi* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *A. gervaisi* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Rhipicephalus sanguineus* (갈색개진드기)

Rhipicephalus sanguineus 참진드기의 채집국가는 태국, 베트남, 대만, 필리핀, 인도네시아 그리고 파키스탄이며 개에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷 진드기와 흡혈 성충 수컷 진드기는 아래와 같다(그림 121). *R. sanguineus*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 42). 구기부는 육각형 모양이며 순판은 노란빛 혹은 붉은 빛을 띄며 패턴이 없는 것이 특징이다. 배면의 경우 첫 번째 절지에 두 개의 긴 삼각형 모양의 가시돌기가 있으며 두 번째, 세 번째 절지에는 한 개의 짧은 가시돌기가 존재한다. 또한 진드기 몸 옆쪽에 존재하는 기문판의 경우 암컷은 넓고 길쭉하며 수컷은 삼각형 모양이다.

표 42. 성충 *Rhipicephalus sanguineus*(갈색개진드기)의 형태학적 특징

구조	특징
구기부(Basis capitulum)	- 육각형 모양임.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지에 두 개의 긴 삼각형 모양의 가시돌기가 있음. - 두 번째, 세 번째 절지에 각각 한 개의 짧은 가시돌기가 존재함.
순판(Scutum)	- 패턴 없음, 노란빛을 띄거나 붉은 빛을 띄는 갈색의 색깔임.
기문판(Spiracular plate)	- 수컷의 경우 길쭉한 삼각형의 모양임. - 암컷의 경우 넓고 길쭉한 모양임.
생식기(Genital aperture)	- 암컷의 경우 넓은 U자 모양임.

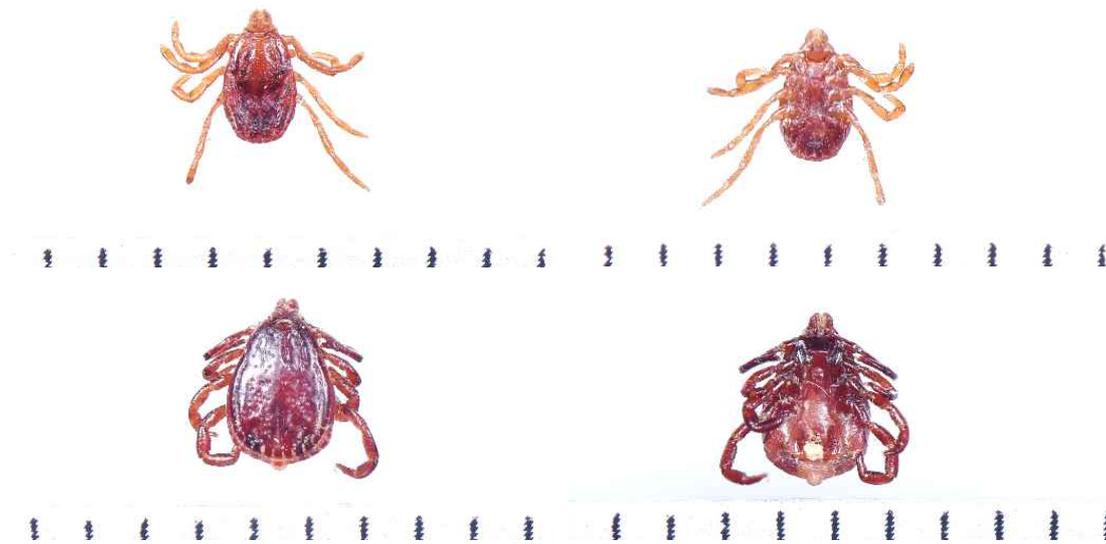


그림 121. 비흡혈 성충 암컷 *Rhipicephalus sanaguineus* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 흡혈 성충 수컷 *R. sanguineus* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Rhipicephalus microplus* (꼬리소참진드기)

Rhipicephalus microplus 참진드기의 채집국가는 태국, 베트남, 필리핀, 인도네시아 그리고 파키스탄이며 소, 염소, 물소에서 채집하였다. 흡혈한 성충 암컷 진드기와 비흡혈 성충 수컷 진드기의 복면과 배면은 다음과 같다(그림 122). *R. microplus*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 43). 복면에서 보이는 화채는 거의 없으며 수컷의 경우 순판에 좁은 띠 모양이 있다. 배면의 특징으로는 수컷의 경우 첫 번째 절지에는 균등한 길이의 두 개의 가시돌기가 갈라져 있으며 내측이 뭉툭하고 외측이 가늘고 뾰족한 특징이 있으며 암컷의 경우 첫 번째 절지가 넓고 둥근 삼각형 모양의 가시돌기가 있는 특징이 있다.

표 43. 성충 *Rhipicephalus microplus*(꼬리소참진드기)의 형태학적 특징

구조	특징
가시돌기(Spur)	- 수컷의 경우 첫 번째 절지에는 균등한 길이의 두 개의 가시돌기가 갈라져 있으며, 내측 가시돌기의 경우 뭉툭하고 외측의 경우 가늘고 뾰족함. - 암컷의 경우 첫 번째 절지가 넓고 둥근 두 개의 가시돌기, 삼각형 모양의 가시돌기가 있음.
화채(Festoon)	- 거의 없음.
순판(Scutum)	- 수컷의 경우 복면, 배면으로 몸을 감싸며 각 면에 좁은 띠 모양이 있음.

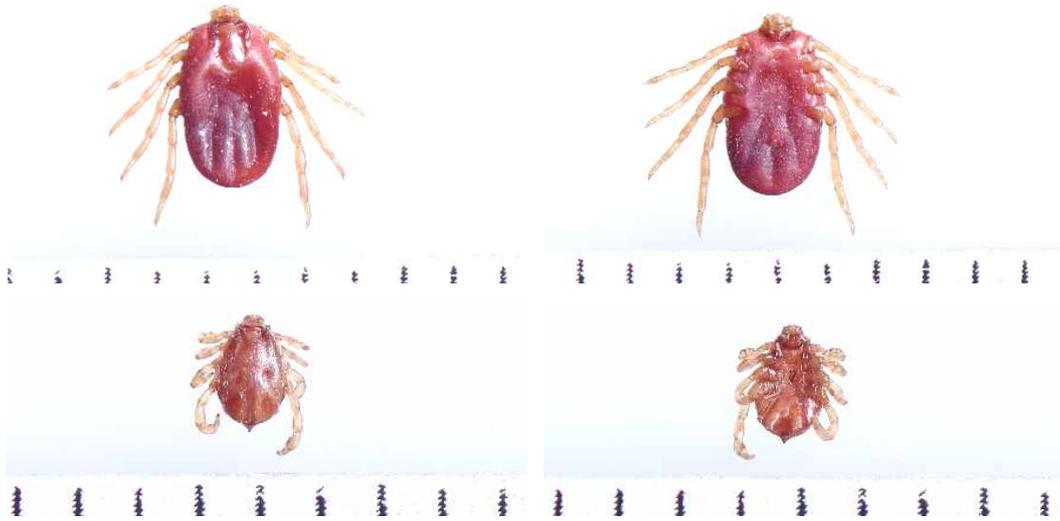


그림 122. 흡혈 성충 암컷 *Rhipicephalus microplus* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *R. microplus* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Hyalomma anatolicum*

Hyalomma anatolicum 참진드기의 채집국가는 파키스탄이며 물소, 소, 염소, 토끼로부터 채집하였다. 흡혈 성충 암컷, 수컷 진드기의 배면과 복면은 아래와 같다(그림 123). *H. anatolicum*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 44). 다른 참진드기보다 크기가 큰 편이며 다리에 무늬가 있으며 복면을 보면 화채가 총 11개이다. 또한 배면의 첫 번째 절지에서 내측 가시돌기가 넓고 날렵한 모양인 것이 특징이다.

표 44. 성충 *Hyalomma anatolicum*의 형태학적 특징

구조	특징
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지의 내측 가시돌기가 날렵하고 외측 가시돌기보다 넓음
화채(Festoon)	- 11개
목홈(Cervical groove)	- 수컷의 경우 좁고 길며 깊은 형태임

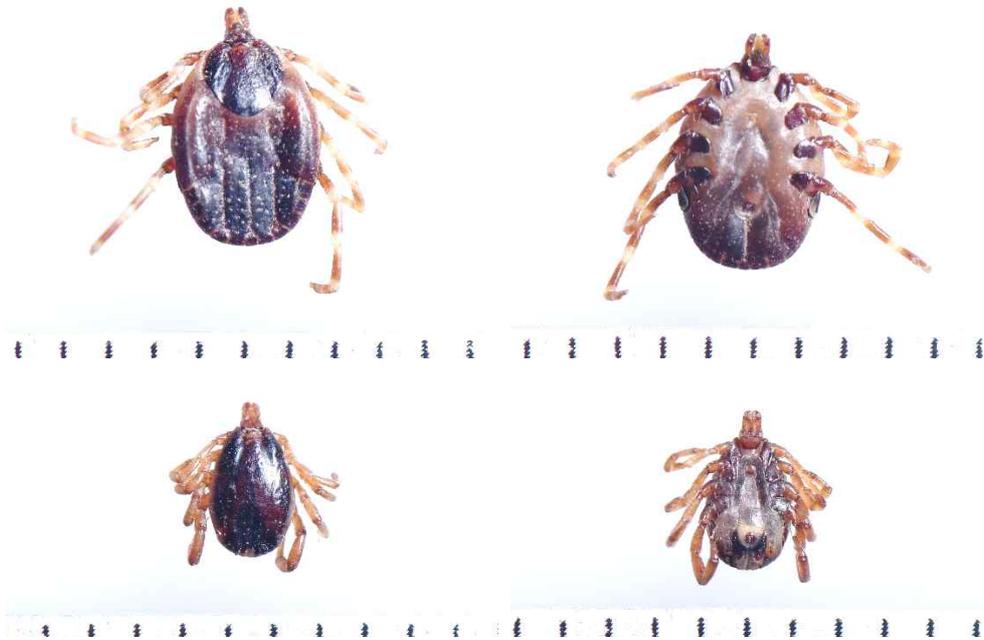


그림 123. 흡혈 성충 암컷 *Hyalomma anatolicum* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 흡혈 성충 수컷 *H. anatolicum* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Haemaphysalis hystricis* (고산피참진드기)

Haemaphysalis hystricis 참진드기의 채집국가는 대만이며 개와 새(*Cyanoderma ruficeps*)에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷, 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 124). *Haemaphysalis hystricis*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 45). 눈이 없으며 복면을 보면 구기부의 두번째 부분이 돌출된 것이 특징이다. 또한 배면을 보면 네 번째 절지에 둥글고 좁은 꼭지점 모양의 가시돌기가 존재한다.

표 45. 성충 *Haemaphysalis hystricis*(고산피참진드기)의 형태학적 특징

구조	특징
구기부(Basis capitulum)	- 구기부 두 번째 부분이 옆으로 돌출되어 있음.
눈	- 없음.
가시돌기(Spur)	- 네 번째 절지에 좁고 둥근 꼭지점을 가진 가시돌기가 존재함.



그림 124. 비흡혈 성충 암컷 *Haemaphysalis hystricis* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *H. hystricis* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Haemaphysalis wellingtoni*

Haemaphysalis wellingtoni 참진드기의 채집국가는 인도네시아이며 닭으로부터 채집하였다. 흡혈한 성충 암컷 진드기와 비 흡혈한 성충 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 125). *H. wellingtoni*의 형태학적 특징으로는 아래와 같다(표 46). *Haemaphysalis* 참진드기의 대표적인 특징인 눈이 없으며 구기부 쪽 더듬이 다리 내측에 가시돌기가 두드러지게 있다.

표 46. 성충 *Haemaphysalis wellingtoni*의 형태학적 특징

구조	특징
구기부(Basis capitulum)	- 구기부 내측에 두드러지는 가시돌기가 있음.
눈	- 없음.
가시돌기(Spur)	- 세 번째 절지에 짧은 가시돌기가 있음.
순판(Scutum)	- 암컷의 경우 살짝 넓은 순판을 가지고 있음.



그림 125. 흡혈 성충 암컷 *Haemaphysalis wellingtoni* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *H. wellingtoni* 복면(좌측 하단)과 배면(우측 하단).

○ *Rhipicephalus pilans*

Rhipicephalus pilans 참진드기의 채집국가는 인도네시아이며 소에서 채집하였다. 비흡혈 성충 암컷, 수컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 126). *R. pilans*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 47). 복면을 보면 구기부는 육각형 모양이며 순판에 크고 거친 털이 있는 것이 특징이다. 배면의 특징으로는 첫 번째 절지에 두 개의 긴 가시돌기가 두드러지게 있으며 수컷의 경우, 배면 항문판 옆에 오목한 낫 모양의 아항문판이 있는 것이 특징이다.

표 47. 성충 *Rhipicephalus pilans*의 형태학적 특징

구조	특징
구기부(Basis capitulim)	- 육각형 모양
순판(Scutum)	- 거칠고 불규칙하며 크고 두드러지는 털이 있음.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지 쪽에 두 개의 긴 가시돌기가 있음.
아항문판(Adanal plate)	- 수컷의 경우 안쪽이 오목한 낫 모양의 아항문판이 있음.



그림 126. 비흡혈 성충 암컷 *Rhipicephalus pilans* 복면(좌측 상단)과 배면(우측 상단)과 비흡혈 성충 수컷 *R. pilans* 복면(좌측 하단)과 배면(우측하단).

○ *Amblyomma hevolum*

Amblyomma hevolum 참진드기의 채집국가는 베트남이며 *Coelognathus radiata* 로부터 채집하였다. 흡혈한 성충 암컷 진드기의 복면과 배면은 아래와 같다(그림 127). *A. hevolum*의 형태학적 특징은 아래와 같다(표 48). 복면 순판에 3개의 서로 다른 패치가 두드러지게 있으며 배면의 첫 번째, 두 번째 그리고 세 번째 절지에 두 개의 가시돌기가 존재하는 것이 특징이다.

표 48. 성충 *Amblyomma helvolum*의 형태학적 특징

구조	특징
순판(Scutum)	- 3개의 서로 다른 패치가 있으며 각 눈에 하나씩, 가장자리에 하나의 패치가 존재함.
가시돌기(Spur)	- 첫 번째 절지에 두 개의 가시돌기가 있음. - 두 번째, 세 번째 절지에는 각각 크기가 비슷한 크고 뾰족한 가시돌기가 있음.



그림 127. 흡혈 성충 암컷 *Amblyomma helvolum* 복면(좌)과 배면(우).

(3) 철새 및 철새 서식지에서의 참진드기 감염률 현황

가. 철새에서의 참진드기 감염 현황

국내외 철새 포획지역에서 시기별 포획조류의 참진드기 감염률은 시기별, 지역별로 0%에서 37.6%까지 다양하게 나타났다(표 49). 이동시기 내내 정량조사가 실시된 주요 철새 중간기착지인 인천 대청도, 몽골 켄티, 일본 홋카이도에서 봄철 진드기 감염률은 각각 1.9%, 0.4%, 29.7%로 나타나, 가을철 진드기 감염률인 2.8%, 1.6%, 37.6%보다 일관되게 낮은 경향이 나타났다. 그러나 산림성 조류가 서식 및 이동하는 일본 홋카이도 연구지역은 국내외 다른 연구지역에 비해 참진드기 감염률이 월등히 높았다. 철새 이동시기에 봄철 서식지별 참진드기 감염률은 산림(18.2%~29.7%)에 서식하는 철새에게서 초지(0.4%~2.2%)보다 높게 나타나는 경향이 나타났으며, 가을철 역시 산림(31.3%~37.6%)이 초지(1.5%~13.7%)나 습지(0.8%~3.1%)보다 높은 경향을 보였다. 해당 서식지에서 참진드기의 숙주가 되는 포유류의 유무, 철새의 종별 선호하는 서식지가 다른 점, 이동시기 외 기간(번식기, 월동기)에 해당 서식지에서의 조류 서식 유무 등이 서식지별 감염률의 차이에 영향을 미칠 것으로 예측되었다.

표 49. 철새의 참진드기 감염률 현황

시기구분	일시	장소	포획 조류수	참진드기 감염조류수	감염률 (%)	참진드기 개체수
봄철이동	2022.04.27. - 2022.05.10. (12일)	인천 대청도	675	15	2.2	43
번식	2022.07.27. - 2022.07.28. (2일)	강원 점봉산	15	2	13.3	2
가을철이동	2022.10.15. - 2022.10.23. (9일)	인천 대청도	635	20	3.1	60
가을철이동	2022.11.04. - 2022.11.07. (4일)	충남 태안	51	7	13.7	10
가을철이동	2022.8.13. - 2022.10.10. (57일)	몽골 켄티	3,596	66	1.8	102
월동	2022.02.23. - 2022.02.24. (2일)	제주 성산	53	10	18.9	10
월동	2022.12.15., 2023.01.08. (2일)	경기 화성	18	0	0.0	0
월동	2022.12.19. - 2022.12.20. (2일)	경기 태화산	11	0	0.0	0
봄철이동	2023.03.31. (1일)	경기 화성	11	2	18.2	2
봄철이동	2023.04.22. - 2023.06.09. (49일)	몽골 켄티	1,250	5	0.4	5
봄철이동	2023.04.22. - 2023.05.19. (11일)	일본 홋카이도	175	52	29.7	93
봄철이동	2023.04.15. - 2023.05.10. (15일)	인천 대청도	1,129	20	1.8	38
번식	2023.06.08. (1일)	경기 태화산	25	2	8.0	2
번식	2023.05.31. - 2023.08.11. (8일)	일본 홋카이도	84	12	14.3	38
가을철이동	2023.09.01., 2023.09.12. (2일)	강원 점봉산	16	5	31.3	12
가을철이동	2023.09.22. - 2023.11.08. (20일)	인천 대청도	1,278	34	2.7	78
가을철이동	2023.8.12. - 2023.10.1. (48일)	몽골 켄티	8,287	121	1.5	355
가을철이동	2023.09.03. - 2023.10.26. (26일)	일본 홋카이도	767	288	37.6	1,422
가을철이동	2023.10.27. - 2023.11.22. (3일)	홍콩	784	6	0.8	7
합계			18,860	667		2,279

나. 철새 이동 시기별 참진드기 분포

일본 홋카이도 시험림에서 드래깅(Dragging) 및 철새포획을 통해 수집한 참진드기의 월별 분포는 다음과 같다(그림 128-129). 드래깅(Dragging) 방법으로 채집한 참진드기의 성장단계 분포를 이동시기로 나눠보면, 가을철 철새 이동시기인 8월, 9월, 10월에 참진드기 유충의 개체수가 높게 나타났다. 철새포획을 통해 채집한 참진드기의 성장단계 분포 역시 가을철 철새 이동시기인 9월과 10월에 높게 나타났다. 이는 참진드기 알이 부화하는 여름 이후부터 참진드기 유충이 급격하게 증가하기 때문으로 판단된다.

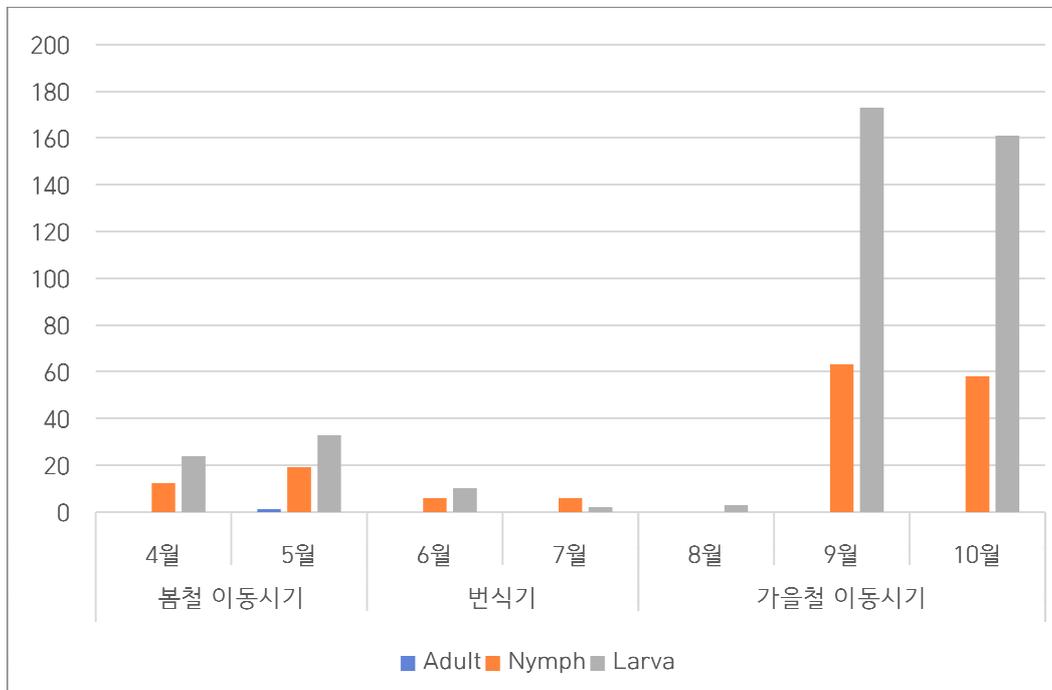


그림 128. 일본 홋카이도에서 이동시기별 참진드기의 월별 성장단계별 분포(서식지에서 드래깅(Dragging)으로 수집).

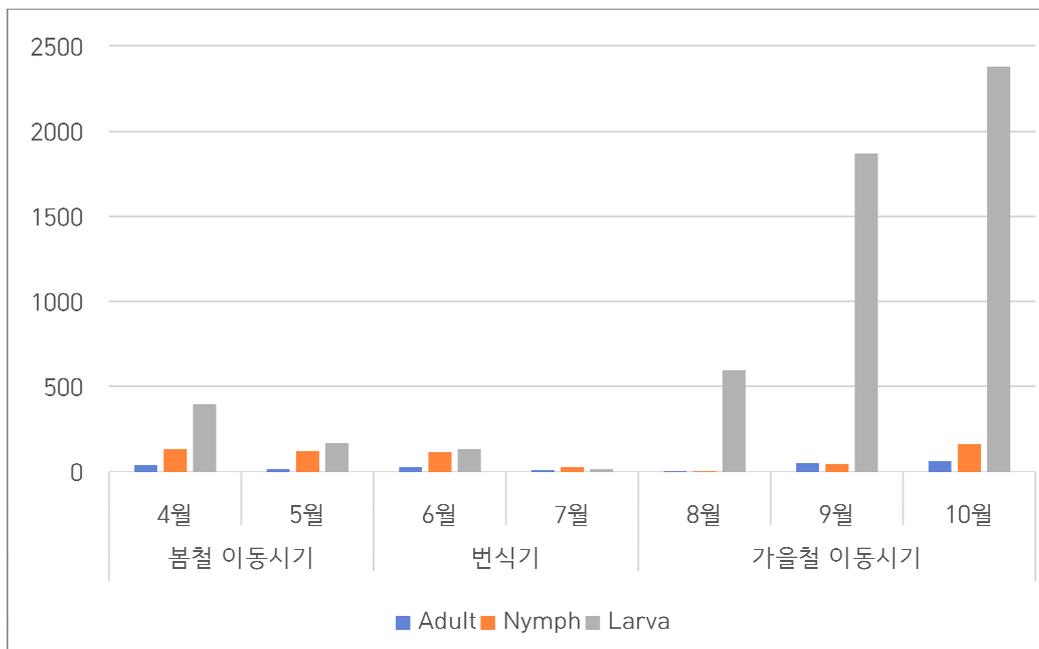


그림 129. 일본 홋카이도에서 이동시기별 참진드기의 월별 성장단계별 분포(포획한 철새로부터 수집).

또한 철새를 포획하여 수집한 참진드기의 월별 총 개체수와 철새 서식지에서 dragging을 실시하여 수집한 진드기의 월별 총 개체수의 변화 패턴은 거의 일치하는 것으로 보인다(그림 130). 따라서 서식지에서의 진드기 발견률은 철새의 진드기 감염률을 대변하는 것으로 고려할 수 있다.

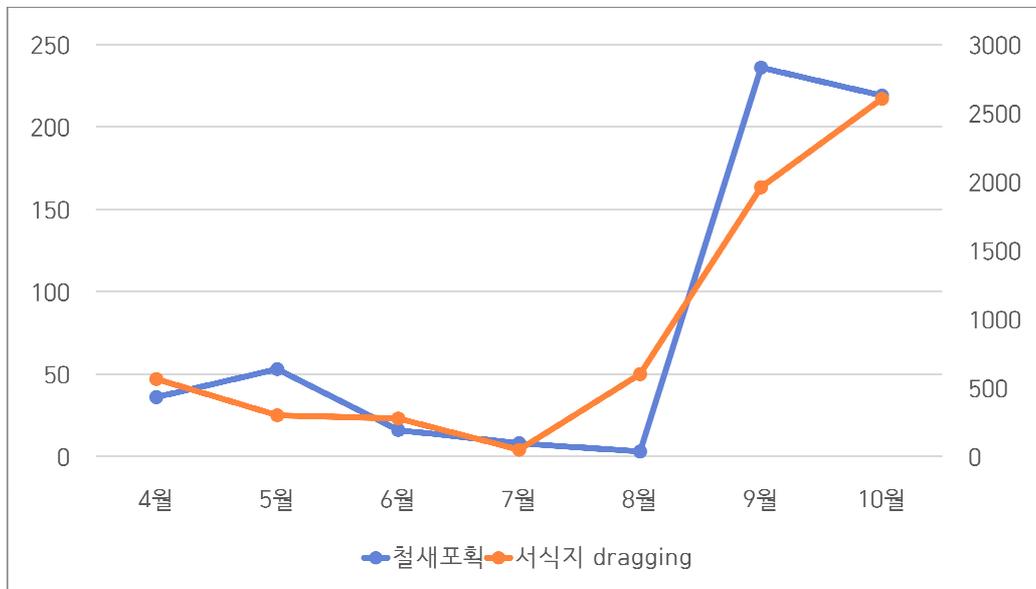


그림 130. 포획된 철새에서 수집한 진드기 및 서식지에서 드래깅하여 수집한 진드기의 월별 분포.

다. 철새 서식지별 참진드기 분포

철새 서식지에서 수집한 참진드기의 수 역시 시기와 상관없이 산림 지역이 초지에 비해 높은 경향성을 보였다(표 50). 그러나 조사 지역이 서로 다른 서식지로 뚜렷이 구분되는 전남 흑산도에서 드래깅을 실시한 결과, 소를 방목하는 초지가 가축이 접근하지 않는 다른 지역보다 유충, 약충, 성충 모두 많은 수가 수집되었다. 따라서 이 지역에서 서식하는 참진드기는 방목되는 가축을 숙주로 이용하며 생활사를 이어가는 것으로 판단되며, 방목 가축의 유무가 중간기착지에서의 참진드기 신규 감염률 및 기존에 감염된 진드기의 전파에 영향을 미칠 것으로 생각된다.

표 50. 서식지 유형에 따른 참진드기 밀도

시기 구분	서식지 유형	장소	Dragging 총 면적 (m ²)	참진드기 수	단위면적(750m ²) 당 참진드기 수
봄철 이동	산림	홍콩	750	126	126
		일본 홋카이도	1,500	864	432
	방목초지	전남 흑산도	750	202	202
		충남 신진도	750	19	19
	초지	인천 대청도	750	1	1
		몽골 켄티	405	27	50
번식기	산림	일본 홋카이도	1,500	326	163
		강원 점봉산	1,500	111	55.5
	초지	경기 태화산	750	23	23
가을철 이동	산림	일본 홋카이도	2,250	5,166	1,722

	홍콩	750	87	87
	전남 흑산도	750	122	122
방목초지	전남 흑산도	300	6,506	16,265
	전남 흑산도	750	1	1
초지	인천 대청도	750	1	1
	몽골 켄티	750	0	0

4) 혈액 시료 확보 현황

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액과 비장 샘플 확보 현황은 다음과 같다(표 51, 52). 확보된 혈액 샘플의 개수는 총 490개이며, 지역별로 보면 강원도 2개, 경기북부 15개, 경기도 2개, 충북 189개, 울산 150개, 부산에서 132개를 확보하였다(표 51).

확보된 비장 샘플의 개수는 총 104개이며, 지역별로 보면 강원도 16개, 경기북부 2개, 충북 49개, 울산 37개를 확보하였으며, 경기북부와 부산은 미수령으로 확보된 시료가 없었다(표 52).

표 51. 혈액 샘플 확보 현황

동물	채집 지역(야생동물센터)						합계
	강원	경기 북부	경기	충북	울산	부산	
포유류	-	13	2	137	100	64	316
조류	2	2	-	52	50	68	174
합계	2	15	2	189	150	132	490

표 52. 비장 샘플 확보 현황

동물	채집 지역(야생동물센터)				합계
	강원	경기 북부	충북	울산	
포유류	-	1	44	-	45
조류	16	1	5	37	59
합계	16	2	49	37	104

5) 질병 분석 및 병원체 분리, 확보

(1) NGS를 이용한 병원체 분석 및 결과

국내 및 국외로부터 채집한 참진드기의 병원체 분석을 위하여 1차적으로 NGS를 통한 병원체 조사의 경향을 확인하고자 하였으며, 조류 및 포유 동물을 구분하여 바이러스와 그 외의 세균들에 대한 정보를 확보하고자 수행하였으며, 연구 기간 및 NGS에 소요되는 금액 등을 고려하여 다음과 같이 연구를 수행하였다.

국내 야생동물구조관리센터 및 철새 가락지부착조사소에서 확보한 참진드기와 국외에서 채집하여 반입한 참진드기에서 국내 12건, 국외 10건 총 22건의 풀링 샘플을 준비하였다(표 53-54). 각 풀링 샘플은 지역과 동물 종 구분(포유류, 조류 및 파충류)에 따라 분류하였으며, 풀링 샘플별 최소 7마리부터 최대 36마리의 참진드기가 포함되었다.

표 53. 차세대염기서열분석을 위해 구성한 국내 참진드기 폴링 샘플별 정보

폴링 샘플명	지역	참진드기 수(마리)	참진드기 종(마리)	동물 종(마리)	숙주동물 구분
NGW1	강원	20	<i>H. longicornis</i> (20)	고라니(12), 노루(4), 너구리(2), 산양(1), 오소리(1)	포유류
NGW2	강원	20	<i>H. longicornis</i> (18) <i>H. flava</i> (2)	꿩(1), 수리부엉이(1), 참매(1)	조류
NGG1	경기	20	<i>H. longicornis</i> (20)	고라니(4)	포유류
NGGB1	경기 북부	20	<i>H. longicornis</i> (19) <i>Haemaphysalis</i> spp. (1)	고라니(3), 너구리(1), 노루(1)	포유류
NDC1	대청도	25	<i>H. concinna</i> (19) <i>I. nipponensis</i> (2) <i>H. flava</i> (3) <i>H. longicornis</i> (1)	족새(8), 쇠붉은뺨멧새(4), 노랑눈썹멧새(2), 횡동새(1), 북방검은머리썩새(1)	조류
NDC2	대청도	22	<i>H. longicornis</i> (9) <i>H. concinna</i> (11) <i>H. flava</i> (1) <i>I. turdus</i> (1)	개똥지빠귀(3), 되지빠귀(3), 딱새(2), 흰배지빠귀(2), 노랑눈썹멧새(1), 족새(1), 쇠붉은뺨멧새(1), 횡동새(1)	조류
NUS1	울산	12	<i>H. longicornis</i> (11) <i>H. flava</i> (1)	검은지빠귀(1), 쇠백로(1)	조류
NUS2	울산	12	<i>H. longicornis</i> (6) <i>H. flava</i> (6)	수리부엉이(2), 꿩(1), 호랑지빠귀(1), 솔부엉이(1), 새매(1), 흰배지빠귀(1)	조류
NUS3	울산	24	<i>H. longicornis</i> (13) <i>H. flava</i> (4) <i>I. nipponensis</i> (4) <i>A. testudinarium</i> (3)	너구리(11), 고라니(7), 노루(2), 오소리(1)	포유류
NJU1	제주도	7	<i>H. flava</i> (3) <i>I. turdus</i> (4)	노랑턱멧새, 섬휘파람새, 박새	조류
NCB1	충북	20	<i>H. longicornis</i> (4) <i>H. flava</i> (10) <i>A. testudinarium</i> (6)	고라니(7), 너구리(3), 오소리(1)	포유류
NHS1	흑산도	15	<i>H. longicornis</i> (1) <i>H. formosensis</i> (5) <i>H. concinna</i> (1) <i>H. flava</i> (1) <i>I. turdus</i> (6) <i>I. nipponensis</i> (1)	노랑턱멧새(1), 되지빠귀(1), 쇠개개비(1), 호랑지빠귀(1), 흰배멧새(1), 흰배지빠귀(1), 횡동새(1)	조류
합계	12개 풀		참진드기 7종 217마리	야생 포유류 5종 51마리 야생 조류 22종 54마리	

H., *Haemaphysalis*; *I.*, *Ixodes*; *A.*, *Amblyomma*.

표 54. 차세대염기서열분석을 위해 구성한 국외 참진드기 폴링 샘플별 정보

폴링 샘플명	지역	참진드기 수(마리)	참진드기 종(마리)	동물 종(마리)	숙주동물 구분
NTH1	태국	20	<i>R. microplus</i> (20)	소(16), 물소(3), 염소(1)	포유류
NPH1	필리핀	20	<i>R. sanguineus</i> (6) <i>R. microplus</i> (14)	소(14), 개(5)	포유류
NVN1	베트남 하노이	18	<i>R. sanguineus</i> (4) <i>R. microplus</i> (14)	소(14), 개(3)	포유류
NMG1	몽골	26	<i>I. persulcatus</i> (26)	쇠뿔은뺨멧새(10), 솔새사촌(3), 촉새(3), Chinese Bush Warbler(2), 큰부리개개비(2), 긴발톱할미새(1), 꼬까참새(1), 노랑눈썹솔새(1), 노랑허리솔새(1), 북방개개비(1), 흰꼬리딱새(1)	조류
NPK1	파키스탄	22	<i>R. microplus</i> (10) <i>R. sanguineus</i> (1) <i>Hy. anatolicum</i> (10)	물소, 소, 개, 염소, 토끼	포유류
NIN1	인도네시아	21	<i>H. bispinosa</i> (17) <i>R. sanguineus</i> (3) <i>R. microplus</i> (1) <i>Hyalomma</i> spp. (1)	소, 면양, 개	포유류
NIN2	인도네시아	13	<i>A. gervaisi</i> (4) <i>A. varanense</i> (9)	그물무늬비단뱀, 물왕도마뱀	파충류
NTW1	대만	20	<i>H. hystricis</i> (12) <i>R. sanguineus</i> (8)	개	포유류
NJP1	일본	36	<i>H. flava</i> (2) <i>I. turdus</i> (1) <i>I. persulcatus</i> (29) <i>I. nipponensis</i> (4)	굴뚝새, 검은멧새, 박새, 오색딱다구리, 유리딱새, 섬촉새, 쇠유리새, 검은지빠귀	조류
NVC1	베트남 호치민	20	<i>H. bispinosa</i> (11) <i>R. microplus</i> (6) <i>R. sanguineus</i> (3)	소, 염소, 개	포유류
합계	10개 폴	참진드기 12종 216마리		포유류 6종 야생 조류 18종 파충류 2종	

R., *Rhipicephalus*; *I.*, *Ixodes*; *Hy.*, *Hyalomma*; *A.*, *Amblyomma*.

가. NGS를 이용한 실험실적 분석 수행 결과

① 바이러스 분석 결과

바이러스 분석을 위해 각각의 폴링 샘플별로 바이러스 핵산을 추출하고 각 농도를 확인하였다(표 55). 추출된 핵산을 대상으로 바이러스(DNA, RNA) 분석용 라이브러리를 제작하였으며, 제작된 라이브러리의 사이즈와 농도를 확인한 결과, 평균 사이즈 약 600bp, 평균 농도 5nM 이상을 충족함으로써 이후 서열분석 진행에 문제없음을 확인하였다(표 55, 그림 131-132). 이에 따라 Illumina NovaSeq 6000 플랫폼을 활용하여 시퀀싱을 진행하였다(표 56).

표 55. 폴링 샘플로부터 바이러스 핵산 (DNA, RNA) 추출 결과

순번	폴링 샘플명	DNA 추출 결과			RNA 추출 결과		
		농도 (ng/ul)	추출량 (ul)	총 추출량 (ng)	농도 (ng/ul)	추출량 (ul)	총 추출량 (ng)
1	NTH1	159	20	3,180	490	20	3,180
2	NGW1	80	20	1,600	708	20	1,600
3	NGG1	43	20	860	678	20	860
4	NGW2	19	20	380	351	20	380
5	NUS1	6	20	124	427	20	124
6	NCB1	937	20	18,740	1,044	20	18,740
7	NDC1	602	20	12,040	777	20	12,040
8	NJJ1	1,109	20	22,180	896	20	22,180
9	NPH1	1,230	20	24,600	2,442	20	24,600
10	NVN1	1,440	20	28,800	1,542	20	28,800
11	NMG1	1,458	20	29,160	4,116	20	29,160
12	NGGB1	579	20	11,580	1,310	20	11,580
13	NUS2	1,230	20	24,600	2,710	20	24,600
14	NUS3	895	20	17,900	1,605	20	17,900
15	NPK1	67	20	1,340	196	20	3,920
16	NIN1	44	20	880	150	20	3,000
17	NIN2	53	20	1,060	168	20	3,360
18	NTW1	67	50	3,350	727	50	36,350
19	NJP1	125	20	2,500	421	20	8,420
20	NHS1	136	20	2,720	136	20	2,720
21	NDC2	124	20	2,480	136	20	2,720
22	NVC1	100	20	2,000	365	20	7,300

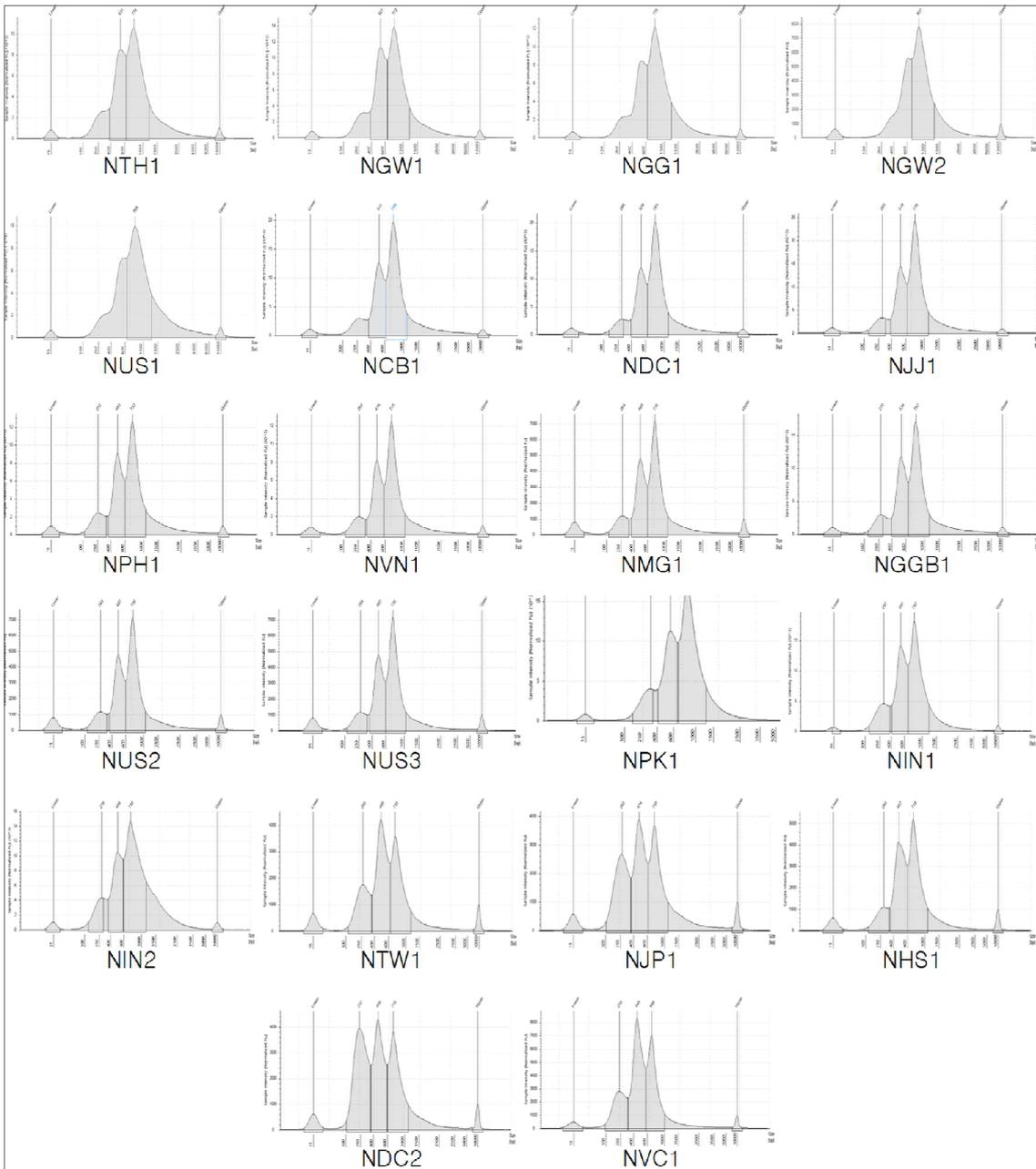


그림 131. TapeStation HS D5000 ScreenTape 시스템을 이용한 DNA 라이브러리 QC 결과.

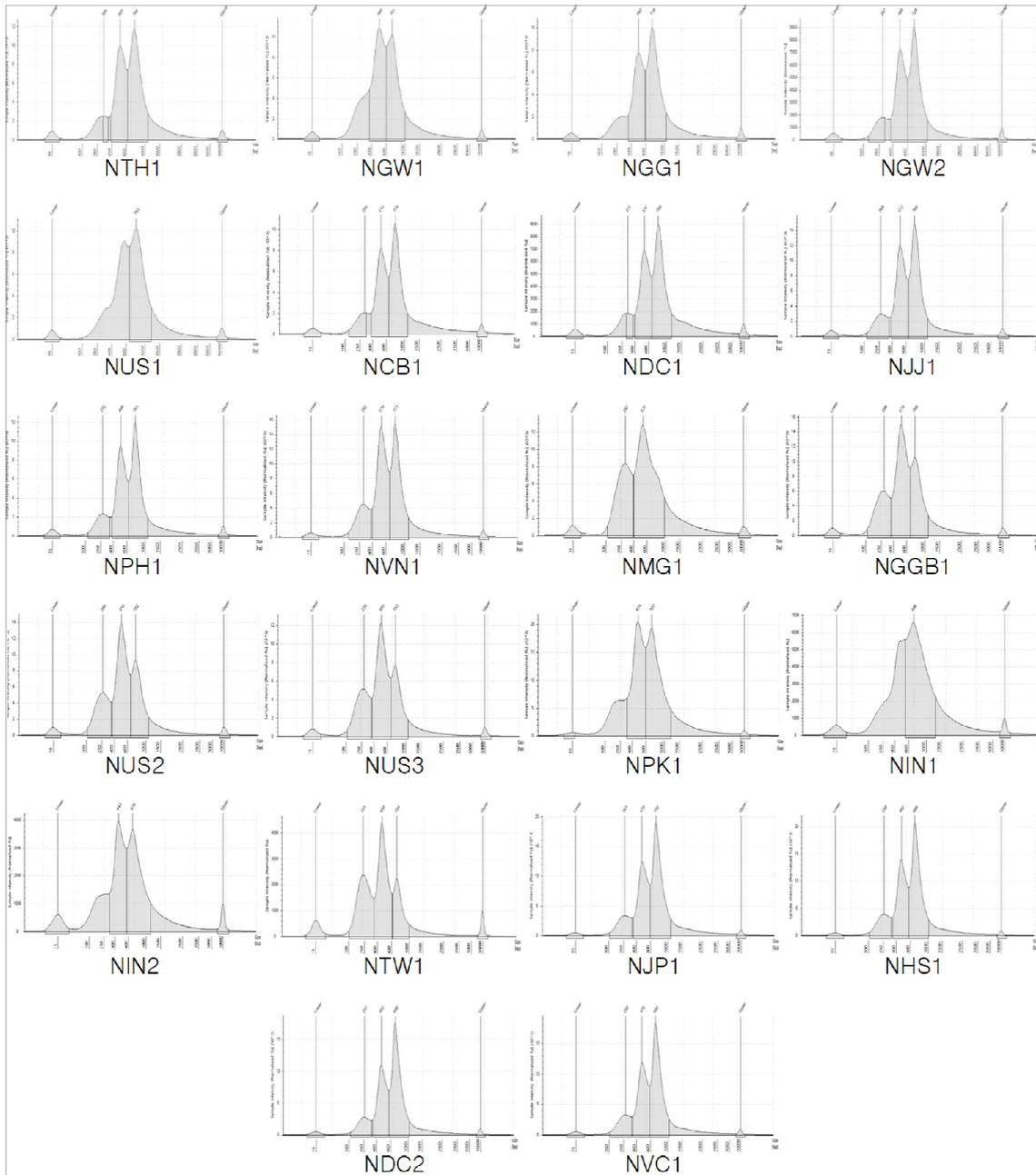


그림 132. TapeStation HS D5000 ScreenTape 시스템을 이용한 RNA 라이브러리 QC 결과.

표 56. 풀링 샘플로부터 생산한 DNA 및 RNA virus 라이브러리 QC 결과(LightCycler qPCR)

순번	풀링 샘플명	DNA QC 결과			RNA QC 결과		
		농도 (ng/ul)	농도 (nM)	크기 (bp)	농도 (ng/ul)	농도 (nM)	크기 (bp)
1	NTH1	14.2	22.3	976	6.8	14.6	718
2	NGW1	10.8	20.9	793	6.2	14.4	657
3	NGG1	14.6	27.7	814	7.5	17.3	664
4	NGW2	10.3	19.0	837	6.4	14.1	696
5	NUS1	8.4	14.3	911	6.6	15.2	673
6	NCB1	25.0	58.6	656	17.7	43.0	633
7	NDC1	27.7	62.7	680	11.0	25.7	658
8	NJJ1	29.0	66.4	672	20.7	50.6	628
9	NPH1	17.6	43.6	621	16.4	40.8	619
10	NVN1	18.1	45.1	617	20.2	50.9	611
11	NMG1	9.9	24.5	621	3.5	10.2	529
12	NGGB1	22.7	52.4	665	10.7	29.2	562
13	NUS2	19.4	45.0	665	10.3	28.7	553
14	NUS3	21.5	51.1	648	8.2	23.8	531
15	NPK1	18.8	42.0	690	16.3	43.6	576
16	NIN1	19.0	44.4	658	4.3	10.5	623
17	NIN2	13.8	32.7	650	2.7	7.5	559
18	NTW1	13.0	35.5	563	7.9	26.5	461
19	NJP1	6.0	17.7	526	29.0	74.0	603
20	NHS1	8.8	26.3	516	27.3	72.4	581
21	NDC2	6.1	19.3	486	24.4	63.1	594
22	NVC1	8.7	22.1	606	28.3	73.3	593

이후 바이러스의 계통 분석을 위해 최종적으로 사용할 Read 데이터를 표 57과 같이 확보하였다. SPAdes genome assembler(v3.15.1)를 사용하여 contig를 조합하고, 이 중 길이 100bp 이상인 contig를 대상으로 BLASTN(v2.13.0+), BLASTX(v2.13.0+)를 사용하여 서열이 유사한 바이러스를 탐색하였다. 이 중 200bp 이상의 길이를 나타내면서 동시에 참고서열에 대한 coverage가 90% 이상인 contig를 대상으로 계통 분석, 유전자서열 분석을 진행하였다.

표 57. 생산된 DNA, RNA read 중 불필요 서열을 제거한 결과(Trim_galore)

순 번	폴링 샘플명	DNA Trimming 결과			RNA Trimming 결과		
		Read 길이 (bp)	Read 수	Read 수율 (%)	Read 길이 (bp)	Read 수	Read 수율 (%)
1	NGG1	2,731,079,420	18,907,718	94.8	3,602,847,964	27,024,062	92.2
2	NGW1	3,107,933,203	22,389,230	93.6	3,570,574,283	27,158,210	92.7
3	NGW2	2,842,306,454	19,750,578	91.1	3,380,680,481	25,751,942	90.9
4	NTH1	2,619,686,498	18,382,262	92.1	3,943,764,242	29,421,110	91.6
5	NUS1	2,519,887,228	18,674,536	90.0	3,928,007,292	28,994,786	91.5
6	NCB1	3,887,689,078	29,392,370	98.4	4,101,518,375	32,078,043	97.0
7	NDC1	3,893,989,567	28,425,263	98.6	4,207,713,328	32,001,059	97.0
8	NGGB1	4,050,938,226	30,460,619	98.0	3,424,758,772	26,560,836	96.5
9	NJJ1	4,055,705,407	29,555,046	98.7	4,227,413,526	32,337,041	97.4
10	NMG1	3,752,396,312	27,881,708	97.6	4,153,868,810	32,299,656	96.8
11	NPH1	3,560,659,157	26,095,061	97.9	4,236,418,376	32,400,471	97.2
12	NUS2	3,385,500,993	24,799,700	98.3	3,628,410,430	28,772,850	97.0
13	NUS3	3,839,923,495	29,807,754	98.3	4,175,465,632	32,372,003	97.0
14	NVN1	3,697,619,420	27,206,663	97.8	4,301,878,416	32,347,593	97.1
15	NIN1	2,902,779,367	21,284,226	97.6	3,596,901,578	29,164,147	88.5
16	NIN2	2,772,496,682	19,687,084	97.4	3,749,345,927	30,766,438	92.7
17	NPK1	2,725,745,724	19,454,884	97.3	3,831,612,354	31,520,672	94.7
18	NTW1	2,805,517,806	19,988,226	98.4	3,218,710,974	25,364,519	97.5
19	NDC2	2,338,316,502	17,017,249	98.1	3,240,455,351	24,286,383	96.5
20	NHS1	2,761,144,875	21,232,290	98.5	3,135,736,927	24,484,360	93.9
21	NJP1	2,867,834,673	21,897,783	98.0	2,951,576,474	22,744,384	93.7
22	NVC1	3,143,013,843	22,765,817	98.2	2,999,401,295	22,753,333	96.3

② 세균 및 주혈원충의 분석

세균과 주혈원충의 분석을 위해 각각의 폴링 샘플별 genomic DNA를 추출하고 농도를 확인하였다(표 58). 추출된 핵산을 이용하여 세균의 amplicon 라이브러리를 제작하기 위해서는 16S rRNA의 V3-V4 영역을, 주혈원충의 amplicon 라이브러리를 제작하기 위해서는 18S rRNA 영역을 증폭 대상으로 선정하여 프라이머 세트를 설정 후 overhang PCR을 실시하여 라이브러리를 제작하였다(표 59). 폴링 샘플별로 제작된 라이브러리의 사이즈와 농도는 각각 평균 사이즈 약 550bp, 평균 농도 5ng/ul 이상을 충족함으로써 이후 서열분석 진행에 문제없음을 확인하였다(표 58, 그림 133-134). 이에 따라 Illumina Miseq 플랫폼에서 시퀀싱을 진행하였다(표 60).

표 58. 폴링 샘플의 genomic DNA 추출 결과

순번	폴링 샘플명	농도 (ng/ul)	추출량 (ul)	총 추출량 (ng)
1	NTH1	4.4	30	131.5
2	NGW1	0.4	30	12.2
3	NGG1	2.3	30	69.4
4	NGW2	0.2	30	4.6
5	NUS1	0.1	20	1.6
6	NCB1	1.1	20	22.4
7	NDC1	3.8	20	76.0
8	NJJ1	9.1	20	182.8
9	NPH1	3.3	20	65.2
10	NVN1	5.5	20	109.4
11	NMG1	1.9	20	37.6
12	NGGB1	1.0	20	20.8
13	NUS2	1.2	20	23.6
14	NUS3	1.2	20	23.0
15	NPK1	57.0	20	1140.0
16	NIN1	78.0	20	1560.0
17	NIN2	75.0	20	1500.0
18	NTW1	57.0	20	1140.0
19	NJP1	10.2	20	203.2
20	NHS1	5.5	20	109.6
21	NDC2	145.8	20	2916.0
22	NVC1	100.0	20	2000.0

표 59. Amplicon 라이브러리 생산을 위해 사용한 프라이머 정보

구분	프라이머 이름	염기서열(5'→3')	참고문헌
세균	Bakt_341F	CCTACGGGNGGCWGCAG	Herlemann et al., 2011
	Bakt_805R	GACTACHVGGGTATCTAATCC	
주혈원충	EUKAF	GCCGCGGTAATTCCAGCTC	Moreno et al., 2018
	EUKAR	CYTTCGYICTTGATTRA	

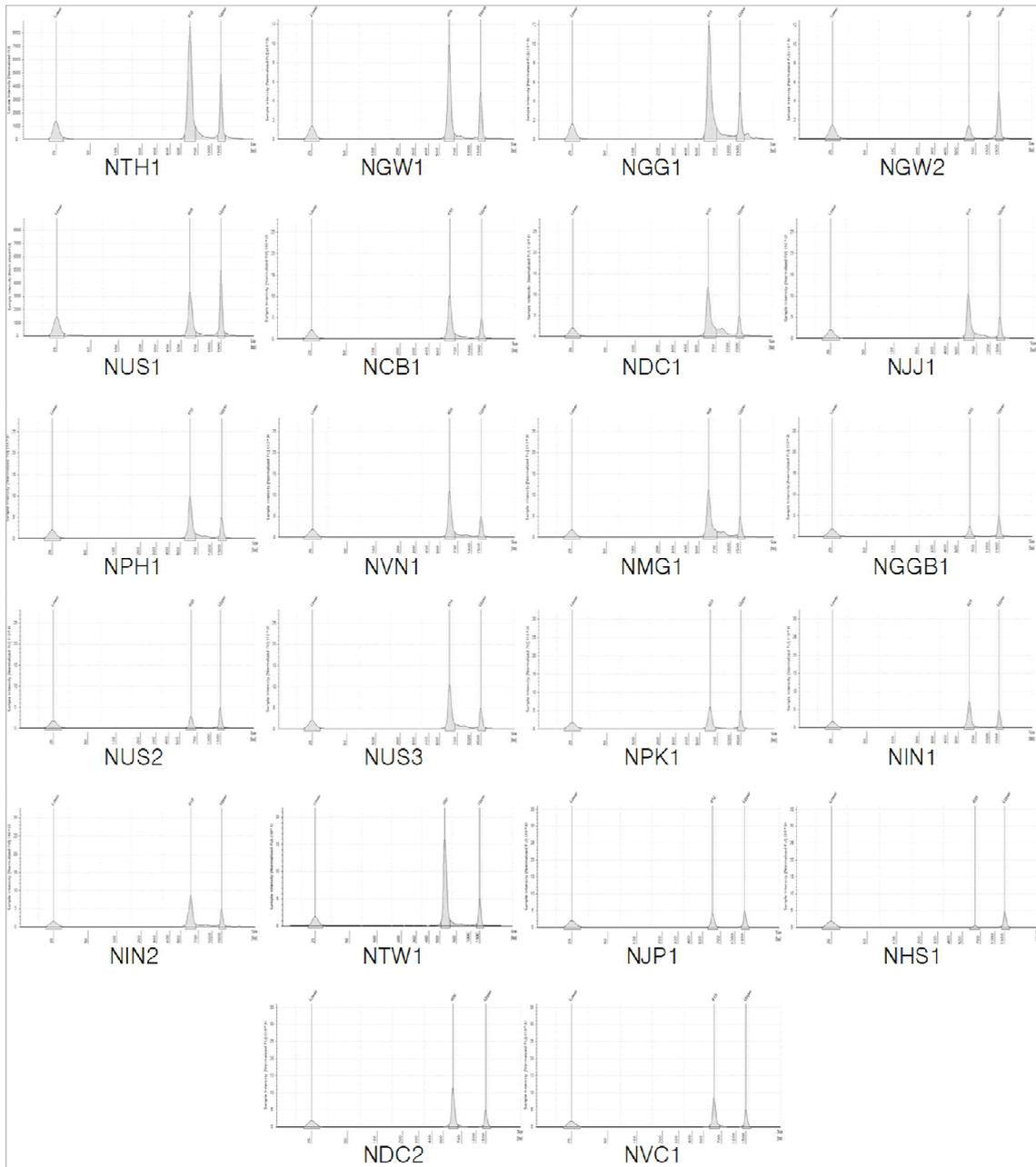


그림 133. TapeStation HS D5000 ScreenTape 시스템을 이용한 16S rRNA 라이브러리 QC 결과.

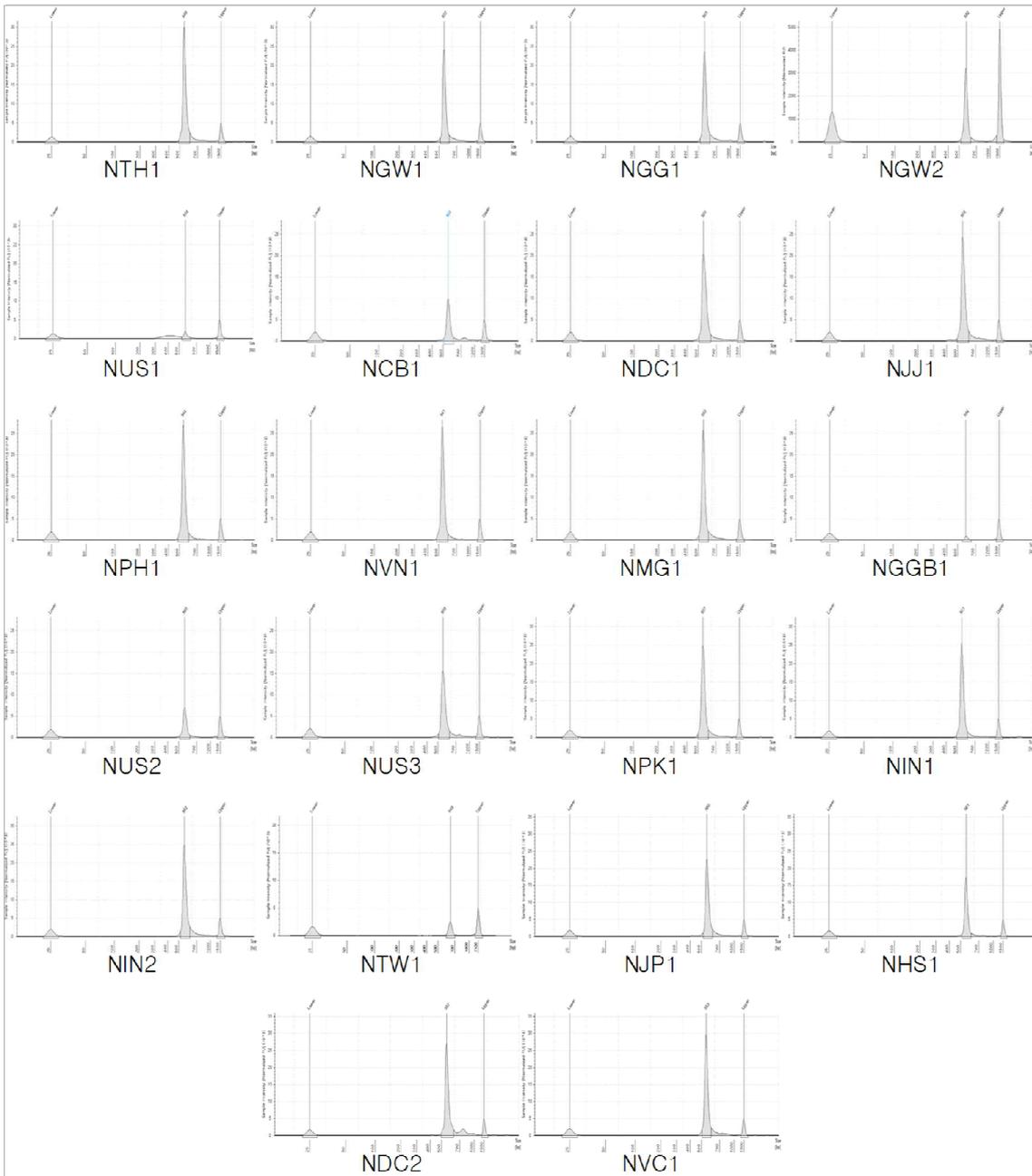


그림 134. TapeStation HS D5000 ScreenTape 시스템을 이용한 18S rRNA 라이브러리 QC 결과.

표 60. 폴링 샘플로부터 생산한 16S 및 18S rRNA의 라이브러리 QC 결과(Picogreen)

순번	폴링 샘플명	16S rRNA QC 결과		18S rRNA QC 결과	
		농도 (ng/ul)	크기 (bp)	농도 (ng/ul)	크기 (bp)
1	NTH1	22.1	610	54.4	549
2	NGW1	18.1	609	36.1	557
3	NGG1	29.3	615	45.9	565
4	NGW2	8.9	612	6.1	582
5	NUS1	7.7	605	9.0	574
6	NCB1	17.0	610	15.7	558
7	NDC1	23.4	610	30.7	555
8	NJJ1	18.1	611	36.9	558
9	NPH1	16.5	610	39.9	544
10	NVN1	18.1	609	39.0	541
11	NMG1	23.0	608	36.8	555
12	NGGB1	5.1	635	1.5	594
13	NUS2	5.3	633	9.1	565
14	NUS3	17.7	614	24.6	558
15	NPK1	11.4	623	54.2	557
16	NIN1	13.7	625	53.5	551
17	NIN2	24.1	618	52.0	562
18	NTW1	5.0	648	34.4	560
19	NJP1	9.1	612	48.9	560
20	NHS1	1.2	639	29.8	561
21	NDC2	18.2	606	68.7	557
22	NVC1	14.6	619	62.5	553

이후 세균과 주혈원충의 계통 분석을 위해 최종적으로 사용할 read 데이터를 표 61과 같이 확보하였다. 세균의 종 분석을 위해 Qiime 2 프로그램의 Silva 데이터베이스, NCBI의 표준 NT 데이터베이스 및 16S rRNA 데이터베이스에 대해 BLASTN(v2.13.0+)을 사용하였다. 주혈원충의 종 분석을 위해서는 Qiime 2 프로그램의 Silva 데이터베이스, NCBI의 표준 NT 데이터베이스에 대해 BLASTN(v2.13.0+)을 사용하여 계통 분석을 진행하여 진드기 매개 질병을 유발하는 것으로 보고된 세균 및 주혈원충에 해당하는 정보를 대상으로 전체 결과를 분석하였다.

표 61. 생산된 16S rRNA, 18S rRNA read 중 불필요 서열을 제거한 결과(Trim_galore)

순 번	폴링 샘플명	16S rRNA Trimming 결과			18S rRNA Trimming 결과		
		Read 길이 (bp)	Read 수	Read 수율 (%)	Read 길이 (bp)	Read 수	Read 수율 (%)
1	NGG1	47,526,254	189,628	96.9	60,499,676	245,052	98.6
2	NGW1	47,429,085	186,344	97.3	63,962,148	250,772	98.7
3	NGW2	35,039,127	140,262	97.2	44,627,079	177,102	98.9
4	NTH1	39,808,913	158,600	97.3	49,969,758	196,498	98.8
5	NUS1	28,848,889	116,996	97.1	42,630,923	178,462	66.0
6	NCB1	55,580,216	239,944	96.3	70,326,715	289,388	99.1
7	NDC1	69,063,138	286,282	97.9	85,743,571	352,826	99.4
8	NGGB1	63,340,214	267,942	97.4	78,322,122	327,452	99.2
9	NJJ1	58,467,123	251,242	97.4	72,114,149	291,234	99.4
10	NMG1	63,797,198	266,586	97.3	71,392,445	295,884	99.4
11	NPH1	56,070,238	235,516	97.4	65,650,842	275,434	99.1
12	NUS2	59,125,830	248,230	97.8	65,693,912	267,464	99.1
13	NUS3	68,970,573	289,716	97.4	75,071,233	310,318	99.3
14	NVN1	60,877,725	256,068	97.4	54,491,414	230,306	99.0
15	NIN1	53,516,233	204,402	97.4	63,556,160	237,664	98.0
16	NIN2	51,140,574	196,272	97.1	65,308,068	253,784	97.4
17	NPK1	57,634,277	216,846	97.5	52,085,112	197,840	97.7
18	NTW1	62,866,861	224,848	98.7	64,427,734	225,560	99.2
19	NDC2	40,596,564	149,970	97.2	44,568,618	169,666	98.1
20	NHS1	44,491,012	171,380	97.0	42,442,575	164,462	99.0
21	NJP1	50,525,924	187,606	97.7	46,495,054	174,786	98.9
22	NVC1	35,307,347	134,506	96.8	39,084,989	147,154	98.6

나. 검출된 바이러스, 세균, 주혈원충의 분석 결과

참진드기 매개 바이러스, 세균 및 주혈원충의 검출을 위해, 한국을 포함한 총 10개 국가의 동물에서 채집한 참진드기의 폴링 샘플 22개(국내 12개, 국외 10개)을 대상으로 NGS 분석을 실시하였다. NCBI의 참고서열을 대조하여 확인 결과 총 23과의 바이러스 53종, 참진드기 매개 병원체로 알려진 6과의 세균 18종 및 3과의 주혈원충 5종과 관련된 유전자 염기서열을 확인하였다.

① 바이러스 분석 결과

국내의 야생동물에서 채집한 참진드기로 구성된 12개의 폴링 샘플을 분석한 결과, 총 19과의 바이러스를 확인하였다. 과(Family) 수준에서 동정된 바이러스 contig 서열에 대한 read 수를 기준으로 시각화하였으며, 야생 포유류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플에서는 15과, 그리

고 야생 조류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 10과의 바이러스를 확인하였다(그림 135). 야생 포유류 유래의 시료에서 확인된 바이러스 중 대부분의 바이러스 read는 *Totiviridae*, *Anelloviridae*, 그리고 *Herpesviridae*로 확인되었다. 또한 야생 조류 유래의 시료에서 확인된 바이러스 중에서는 *Herpesviridae*, *Phenuiviridae*, 그리고 *Solemoviridae*에 속하는 바이러스 read가 대다수를 차지하였다. 과 수준에서 확인되지 않으나 종 수준에서는 동정된 바이러스 read의 수 또한 그림 135에 함께 표현되었다. *Herpesviridae*에 속하는 바이러스 read는 야생 포유류와 야생조류 모두를 포함한 11개의 풀링 샘플에서 공통적으로 검출되었으며, 이어서 5개의 풀로부터 *Paramyxoviridae*, 4개의 풀로부터 *Togaviridae*에 속하는 바이러스 read를 확인하였다.

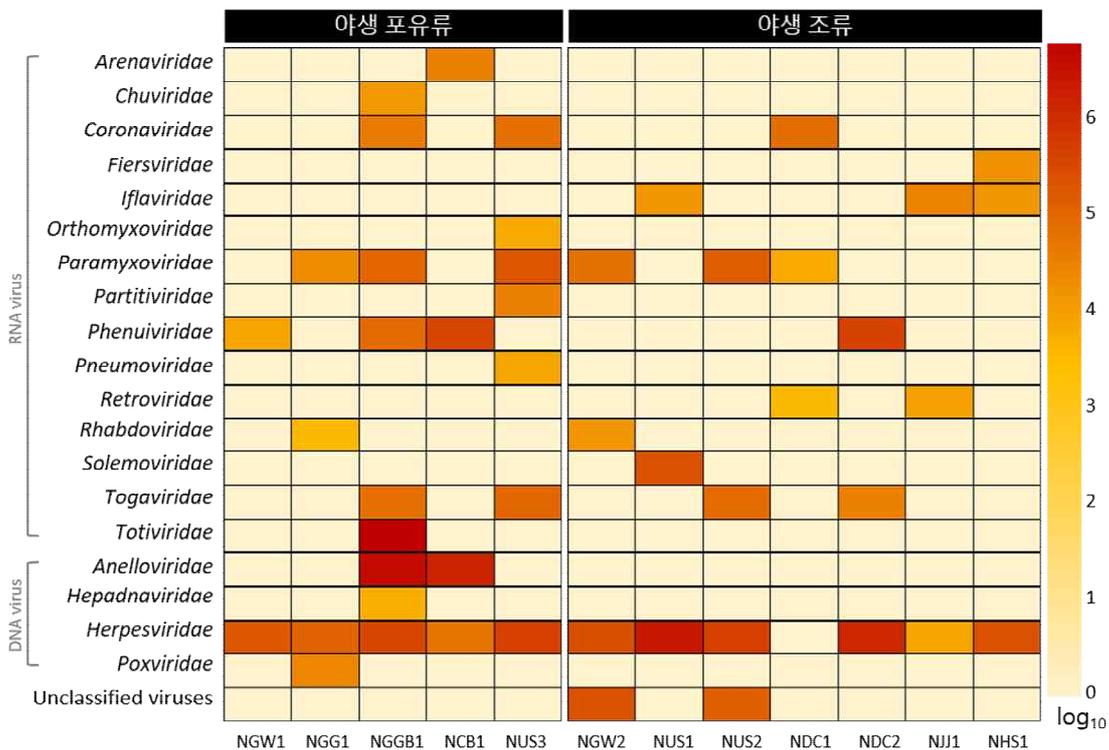


그림 135. 국내에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 NGS를 통해 확인된 바이러스의 상대적 분포도.

확인된 바이러스 19과의 해당하는 contig 서열을 계통학적 하위 단계인 종(species) 수준에서 분석한 결과 총 30종의 바이러스를 확인하였다. 먼저 국내의 야생 포유류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 24종의 바이러스를 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 2개부터 최대 2,324,503개의 바이러스 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 바이러스 종에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 136). 모든 풀링 샘플에서 Cercopithecine betaherpesvirus 5에 해당하는 contig 서열이 확인되었으며, *Paguma larvata* torque teno virus는 샘플 중 가장 많은 read 수를 보이며 NGGB1에서 확인되었다. 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 3종의 바이러스(*Guanarito mammarenavirus*, *orf virus*, Semliki Forest virus)와 사람에서 질병을 유발할 수 있는 6종의 바이러스(Human betaherpesvirus 5, human betaherpesvirus 7, human gammaherpesvirus 4, human gammaherpesvirus 8, human respirovirus 3 및 severe acute respiratory syndrome-related coronavirus)가 검출되었다.

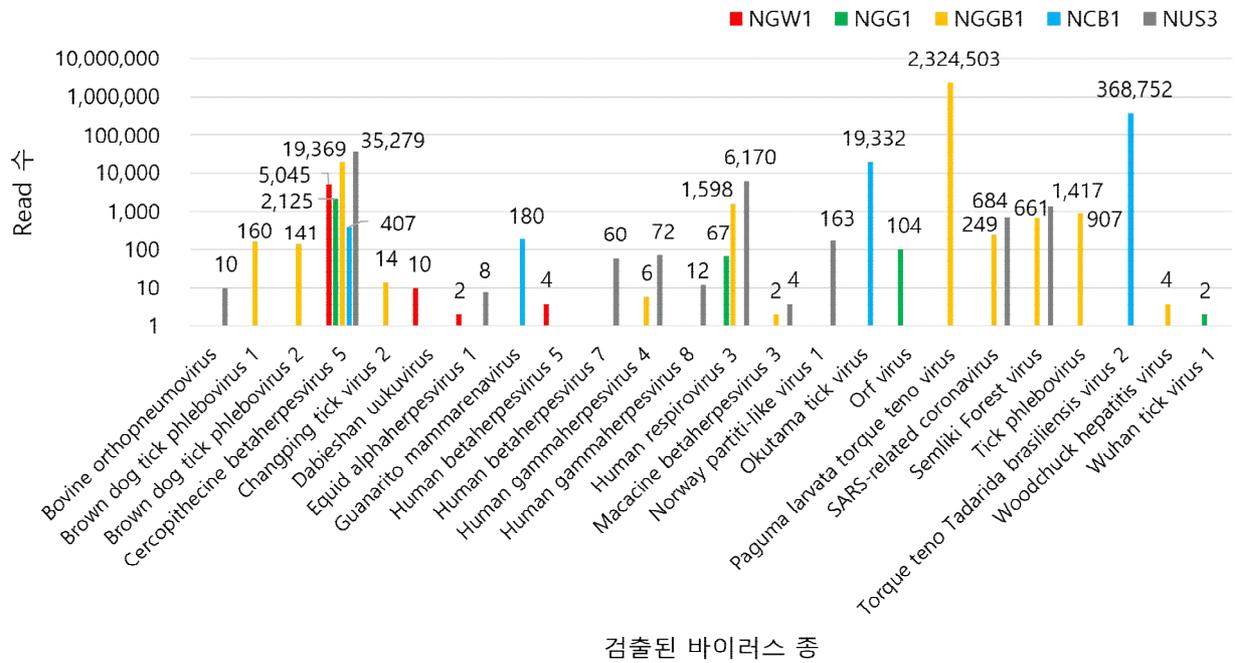


그림 136. 국내의 야생 포유류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 검출된 바이러스.

국내의 야생 조류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 14종의 바이러스를 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 2개부터 최대 820,511개의 바이러스 read가 계수되었다(그림 137). NDC1을 제외한 모든 풀링 샘플에서 Cercopithecine betaherpesvirus 5에 해당하는 contig 서열이 확인되었으며, 이어서 Okutama tick virus에 해당하는 contig 서열에 대해 관련하여, 바이러스 중 2번째로 많은 수의 read가 계수되며 NDC2에서 확인되었다. 특히 인수공통 감염병을 유발할 수 있는 1종의 바이러스(Semliki Forest virus)와 사람에서 질병을 유발할 수 있는 5종의 바이러스(Human betaherpesvirus 5, human gammaherpesvirus 4, human immunodeficiency virus 1, human respirovirus 3 및 severe acute respiratory syndrome-related coronavirus)가 검출되었다.

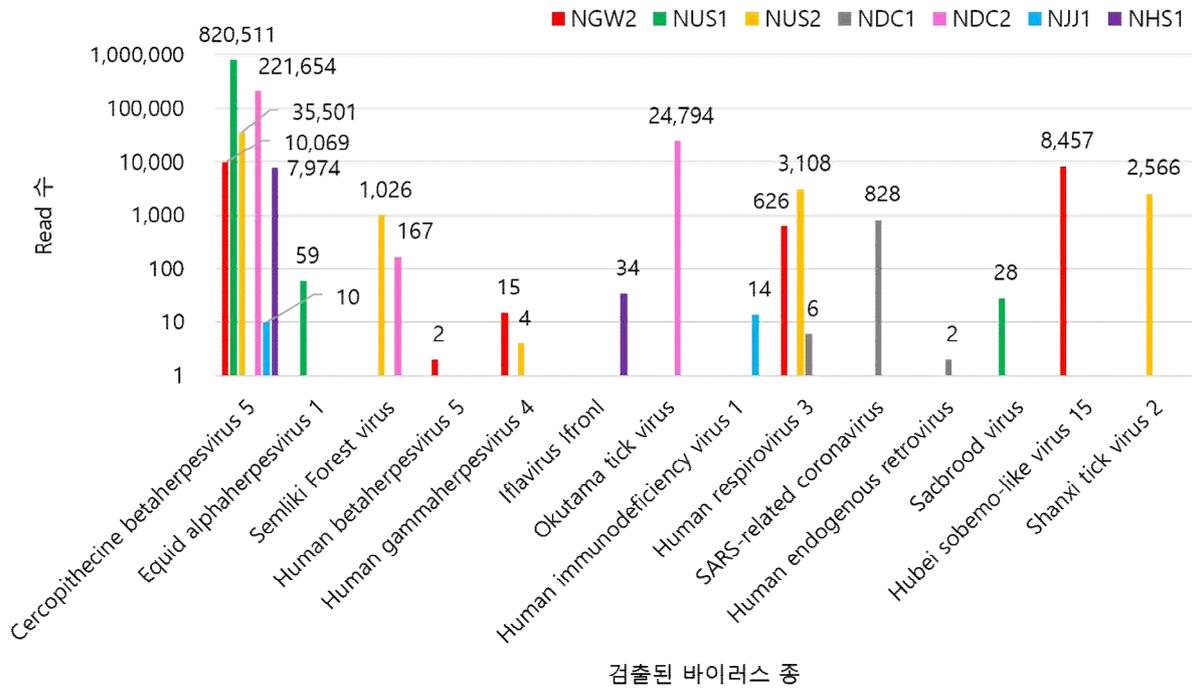


그림 137. 국내의 야생 조류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 검출된 바이러스.

결과적으로 국내의 풀링 샘플로부터 확인된 30종의 바이러스 중 인수공통감염병을 유발하는 3종의 바이러스, 사람에서 병원성을 나타내는 7종의 바이러스, 동물에서 병원성을 나타내는 5종의 바이러스, 그리고 병원성이 밝혀지지 않은 15종의 바이러스가 검출되었고 목록은 표 62와 같다.

표 62. 국내의 참진드기로부터 NGS 분석 결과 검출된 바이러스의 목록

구분	바이러스 종	합계
인수공통감염성 바이러스	Guanarito mammarenavirus	3종
	<i>Orf virus</i>	
	Semliki Forest virus	
사람 병원성 바이러스	Human betaherpesvirus 5	7종
	Human betaherpesvirus 7	
	Human gammaherpesvirus 4	
	Human gammaherpesvirus 8	
	Human immunodeficiency virus 1	
	Human respirovirus 3	
	SARS-related coronavirus	
동물 병원성 바이러스	Bovine orthopneumovirus	5종
	Equid alphaherpesvirus 1	
	Macacine betaherpesvirus 3	
	Sacbrood virus	
	Woodchuck hepatitis virus	
병원성이 밝혀지지 않은 바이러스	Brown dog tick phlebovirus 1	15종
	Brown dog tick phlebovirus 2	
	Cercopithecine betaherpesvirus 5	
	Changping tick virus 2	
	Dabieshan uukuvirus	
	Hubei sobemo-like virus 15	
	Human endogenous retrovirus	
	<i>Iflavirus lfronl</i>	
	Norway partiti-like virus 1	
	Okutama tick virus	
	Paguma larvata torque teno virus	
	Shanxi tick virus 2	
	Tick phlebovirus	
Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2		
Wuhan tick virus 1		
합계		30종

또한 국내의 참진드기로부터 검출된 바이러스를 채집한 동물 종과 병원성에 따라 그림 138과 같이 시각화하였다. 국내의 야생 포유류와 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 공통적으로 확인된 바이러스는 인수공통감염병을 유발할 수 있는 Semliki Forest virus, 사람에서 병원성을 나타낼 수 있는 human betaherpesvirus 5, human gammaherpesvirus 4, human respirovirus 3 및 severe acute respiratory syndrome-related coronavirus, 동물에서 병원성을 나타낼 수 있는 equid alphaherpesvirus 1, 그리고 병원성이 알려진 바 없는 Okutama tick virus와 Cercopithecine betaherpesvirus 5임을 확인하였다.

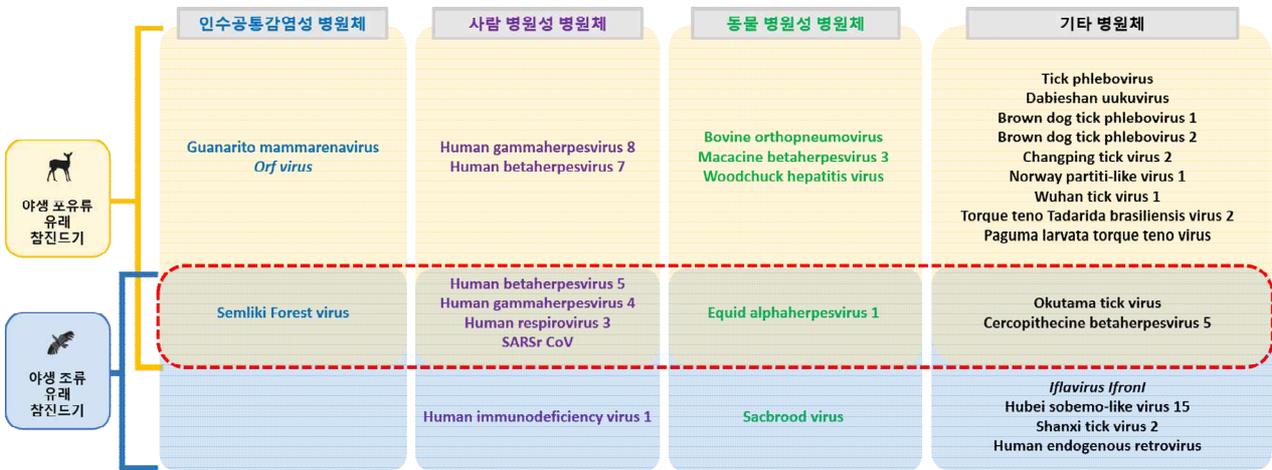
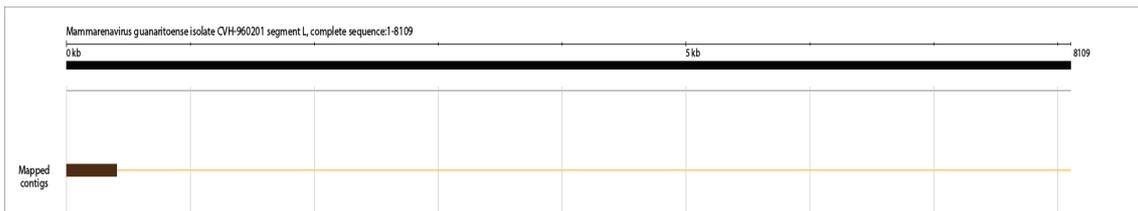


그림 138. NGS 분석을 통해 국내에서 수집된 잠진드기로부터 NGS 분석을 통해 검출된 바이러스의 동물 종 및 병원성에 따른 구분. SARSr CoV, severe acute respiratory syndrome-related coronavirus.

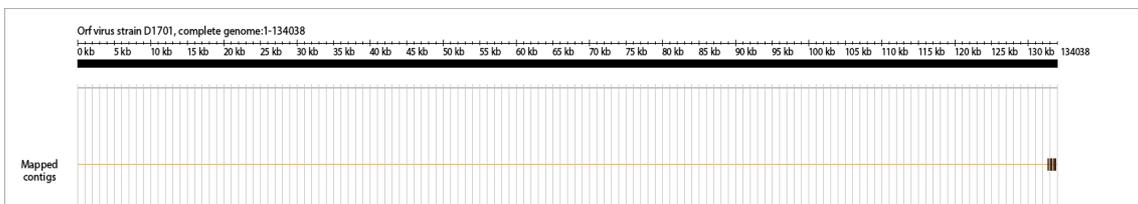
검출된 바이러스와 NCBI 참조서열의 유전자 염기서열을 대조하여, 각각의 바이러스에 대한 유전자 염기서열 지도를 다음과 같이 시각화하였다.

가) 인수공통감염병을 유발하는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

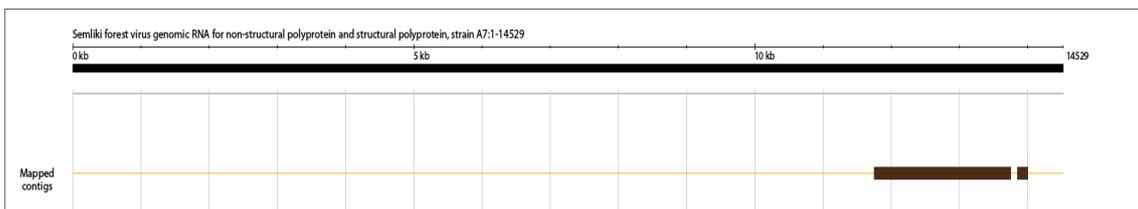
- Guanarito mammarenavirus(전체 유전자 길이: 11.4kbp 이상)
 - 폴링샘 플명: NCB1(참조서열: KU746283)



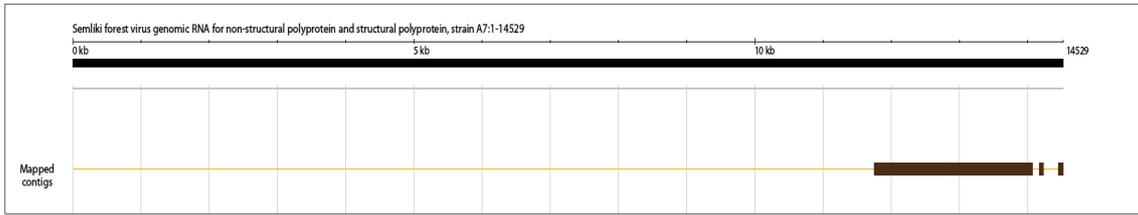
- Orf virus(전체 유전자 길이: 약 137kbp)
 - 폴링샘 플명: NGG1(참조서열: HM133903)



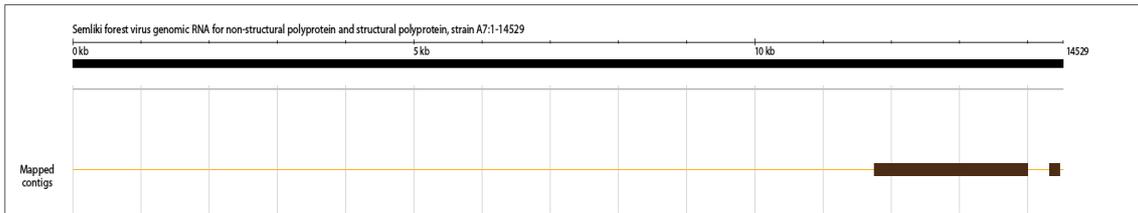
- Semliki Forest virus(전체 유전자 길이: 약 14.5kbp)
 - 폴링샘 플명: NGGB1(참조서열: Z48163)



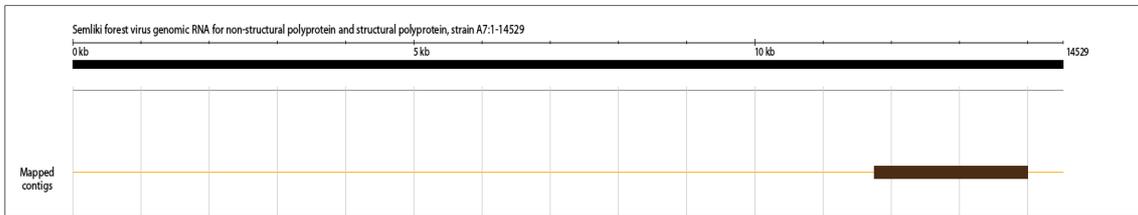
- 폴링샘플명: NUS2(참조서열: Z48163)



- 폴링샘플명: NUS3(참조서열: Z48163)



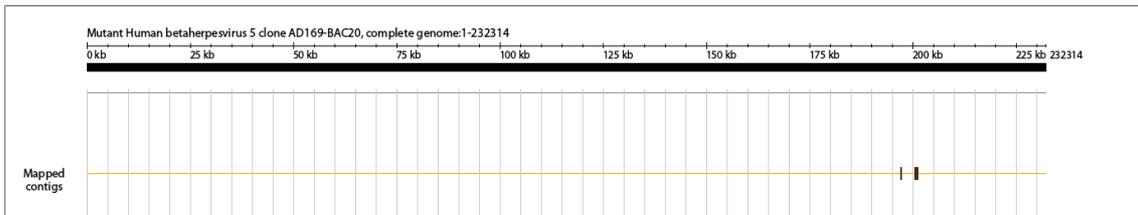
- 폴링샘플명: NDC2(참조서열: Z48163)



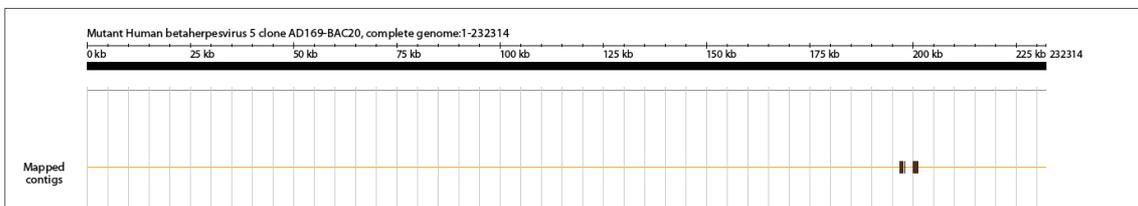
나) 사람에서 병원성을 나타내는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

• Human betaherpesvirus 5(전체 유전자 길이: 약 232kbp)

- 폴링샘플명: NGW1(참조서열: MN920393)

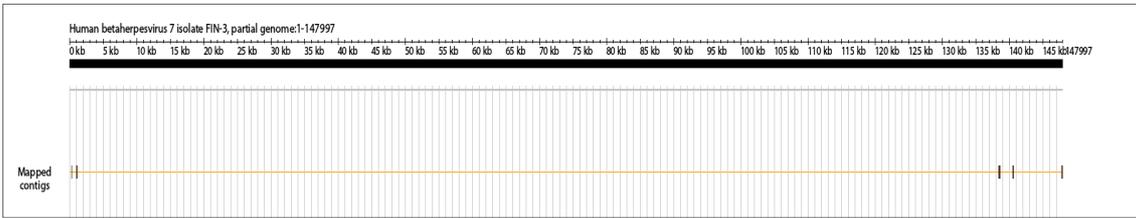


- 폴링샘플명: NGW2(참조서열: MN920393)



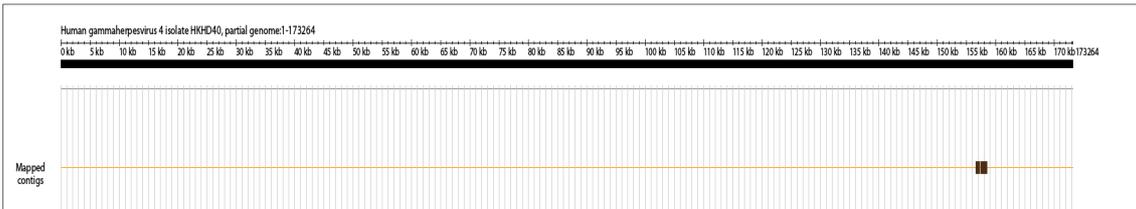
• Human betaherpesvirus 7(전체 유전자 길이: 약 148kbp)

- 폴링샘플명: NUS3(참조서열: ON023040)

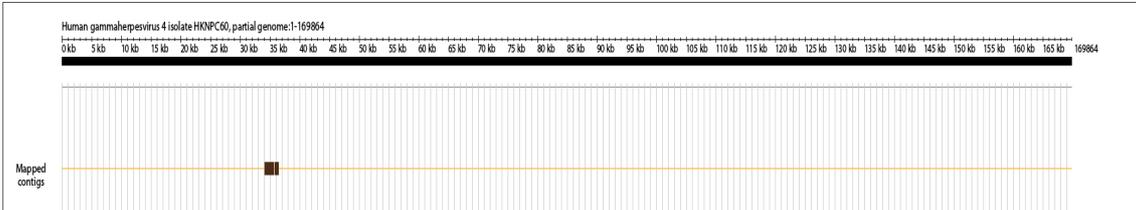


- Human gammaherpesvirus 4(전체 유전자 길이: 약 173kbp)

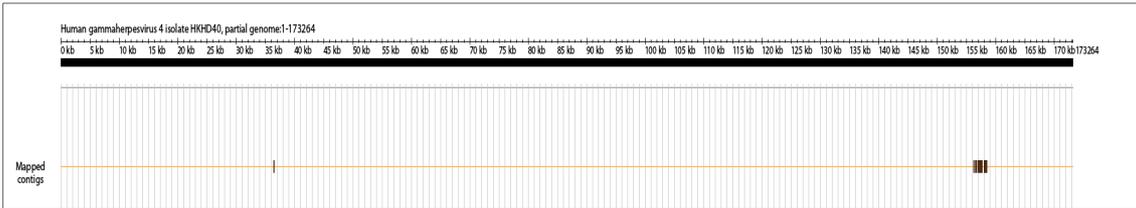
- 풀링샘플명: NGW2(참조서열: MH590409)



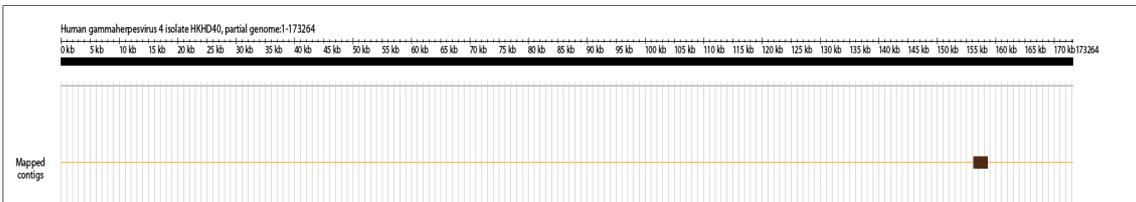
- 풀링샘플명: NGGB1(참조서열: MH590571)



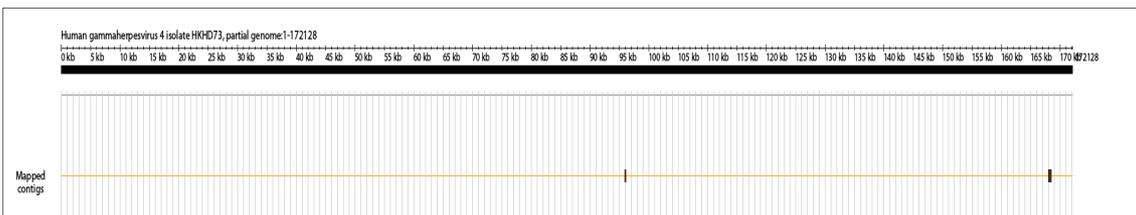
- 풀링샘플명: NUS2(참조서열: MH590409)



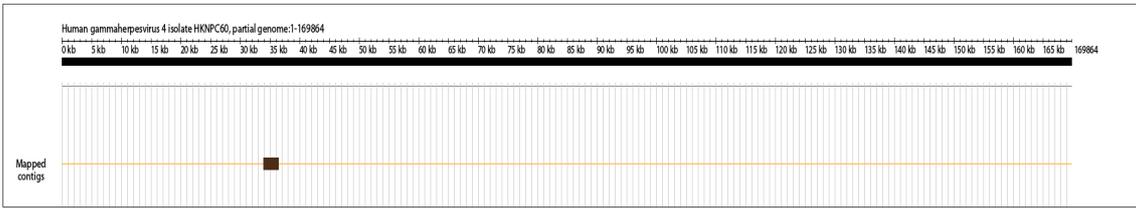
- 풀링샘플명: NUS3(참조서열: MH590409)



- 풀링샘플명: NUS3(참조서열: MH590442)

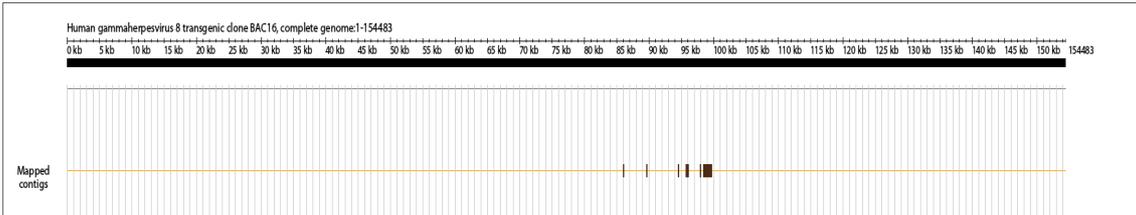


- 풀링샘플명: NUS3(참조서열: MH590571)



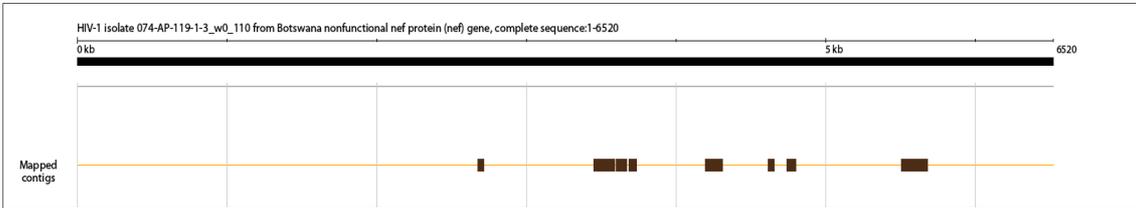
- Human gammaherpesvirus 8(전체 유전자 길이: 약 170kbp)

– 폴링샘 플명: NUS3(참조서열: MK733609)



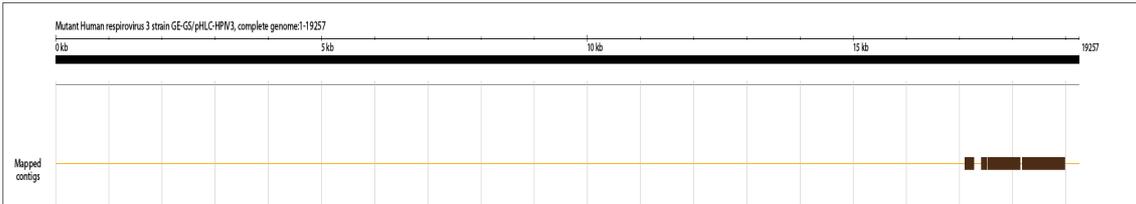
- Human immunodeficiency virus 1(전체 유전자 길이: 약 9.2kbp)

– 폴링샘 플명: NJJ1(참조서열: MZ766785)

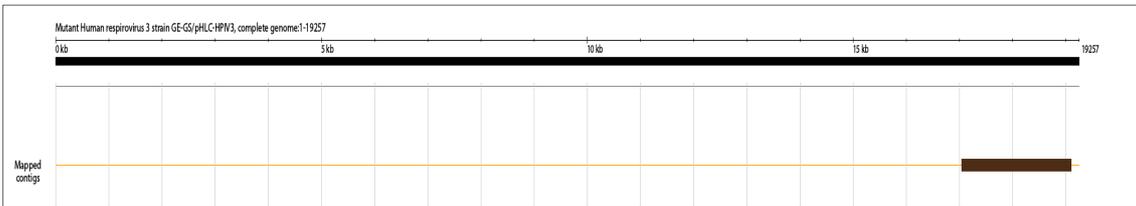


- Human respirovirus 3(전체 유전자 길이: 약 19kbp)

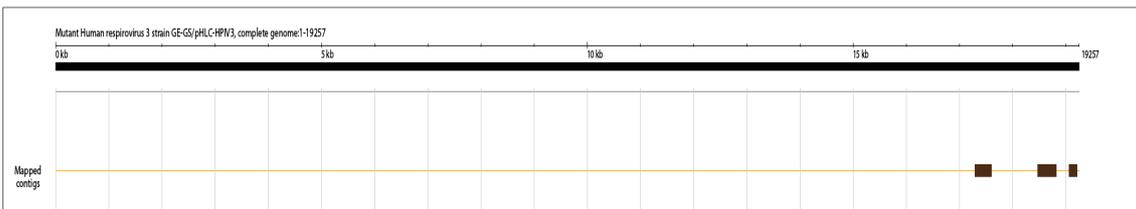
– 폴링샘 플명: NGG1(참조서열: OP821798)



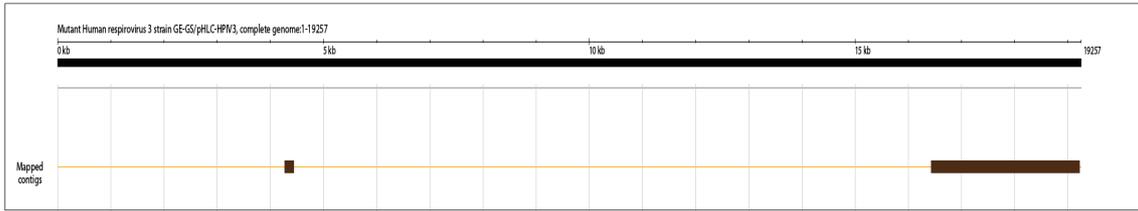
– 폴링샘 플명: NGW2(참조서열: OP821798)



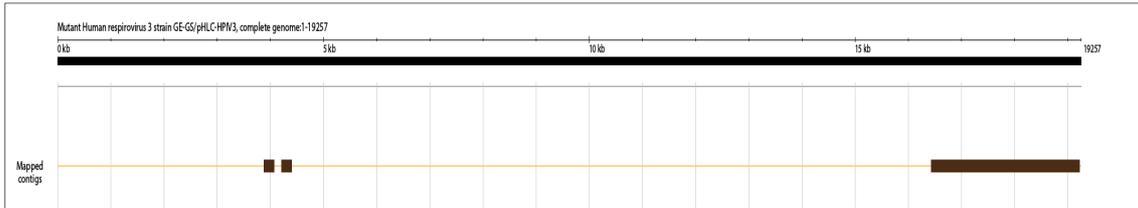
– 폴링샘 플명: NDC1(참조서열: OP821798)



- 풀링샘 플명: NGGB1(참조서열: OP821798)



- 풀링샘 플명: NUS2(참조서열: OP821798)

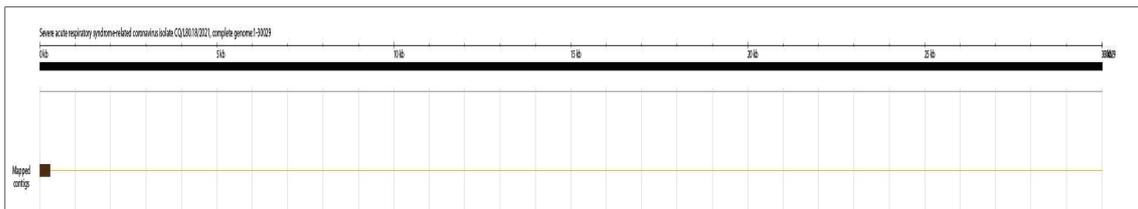


- 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: OP821798)

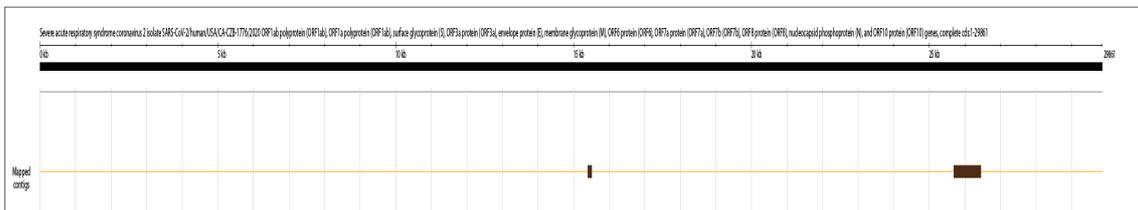


• SARS-related coronavirus(전체 유전자 길이: 약 30kbp)

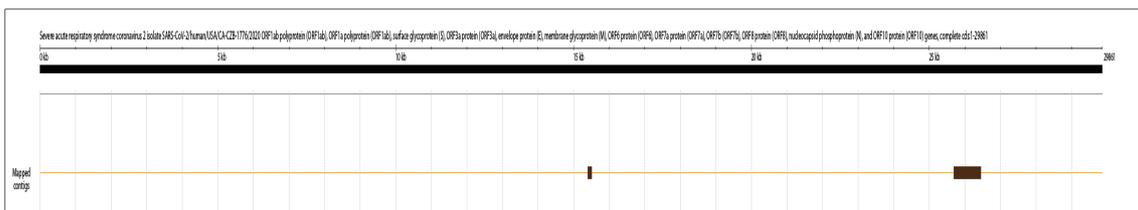
- 풀링샘 플명: NDC1(참조서열: OQ297705)



- 풀링샘 플명: NGGB1(참조서열: MT671829)

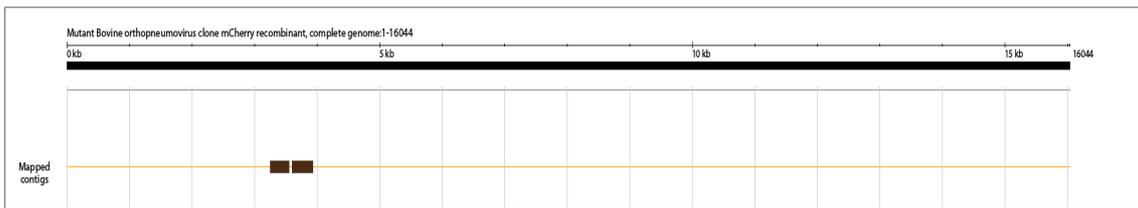


- 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: MT671829)



다) 동물에서 병원성을 나타내는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

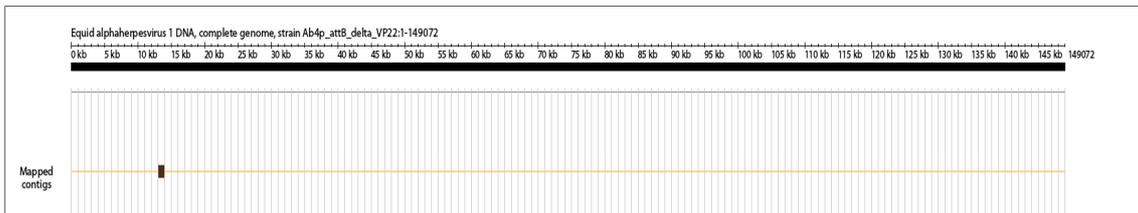
- Bovine orthopneumovirus(전체 유전자 길이: 약 16kbp)
 - 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: ON110491)



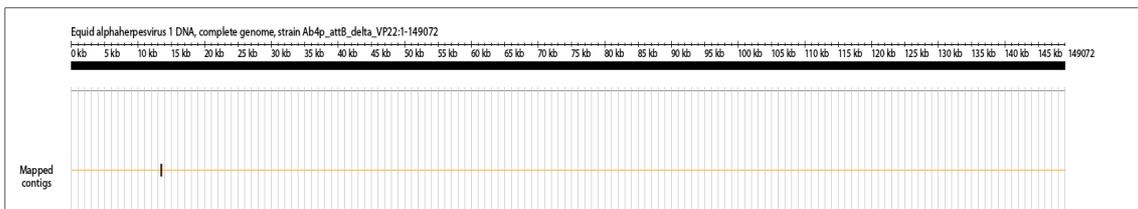
- Equid alphaherpesvirus 1(전체 유전자 길이: 약 150kbp)
 - 풀링샘 플명: NGW1(참조서열: LC193725)



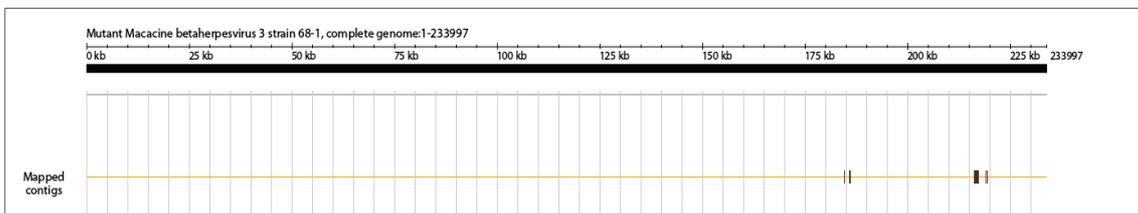
- 풀링샘 플명: NUS1(참조서열: LC193725)



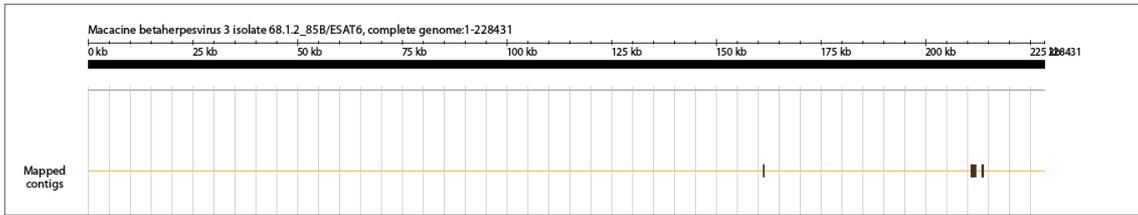
- 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: LC193725)



- Macacine betaherpesvirus 3(전체 유전자 길이: 약 233kbp)
 - 풀링샘 플명: NGGB1(참조서열: MN437483)



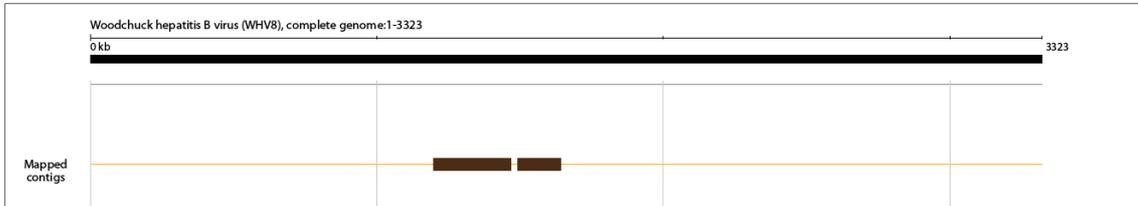
- 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: MF468142)



- Sacbrood virus(전체 유전자 길이: 약 8.8~10.7kbp)
 - 폴링샘플명: NUS1(참조서열: MN528599)

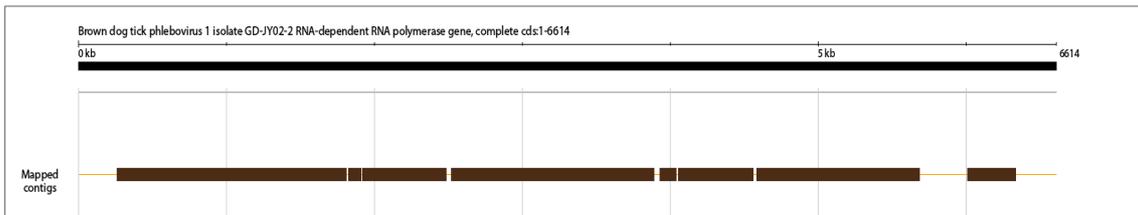


- Woodchuck hepatitis virus(전체 유전자 길이: 약 3.3kbp)
 - 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: J04514)

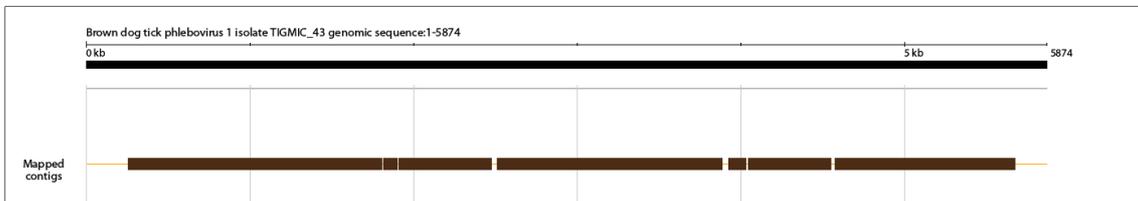


라) 병원성이 밝혀지지 않은 바이러스의 유전자 염기서열 지도

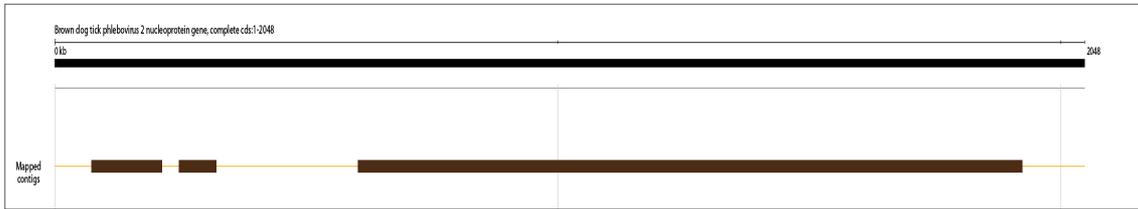
- Brown dog tick phlebovirus 1(전체 유전자 길이: 8.0kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: OM326744)



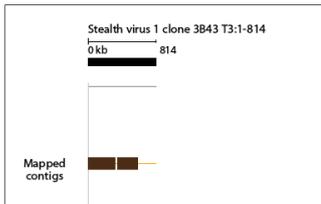
- 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: ON812443)



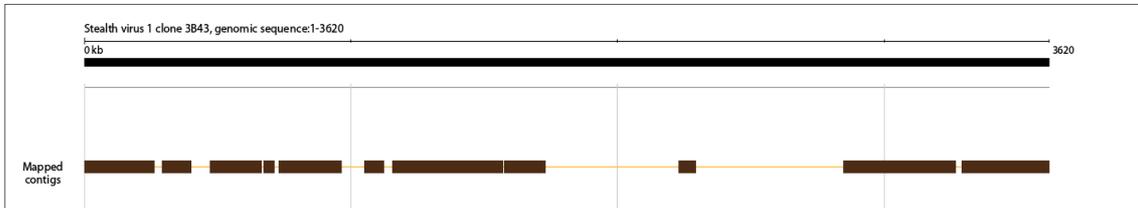
- Brown dog tick phlebovirus 2(전체 유전자 길이: 8.6kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: OM405139)



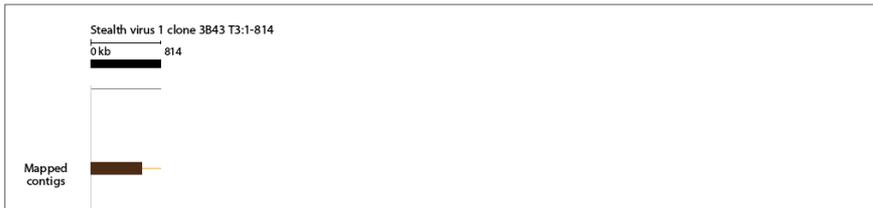
- Cercopithecine betaherpesvirus 5(Stealth virus) (전체 유전자 길이: 약 200kbp)
 - 폴링샘 플명: NGG1(참조서열: AF065755)



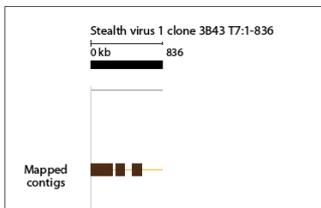
- 폴링샘 플명: NGG1(참조서열: AF191073)



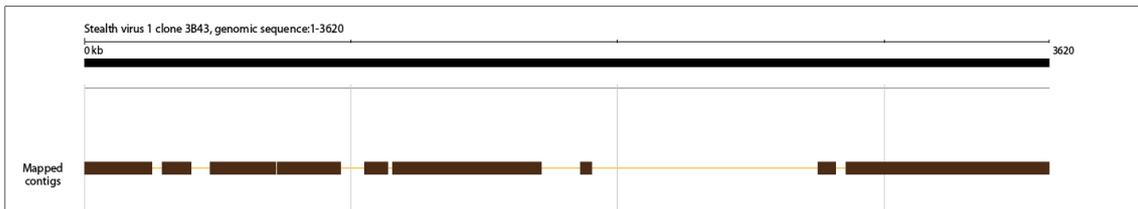
- 폴링샘 플명: NGW1(참조서열: AF065755)



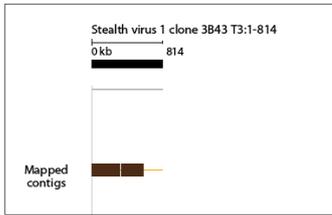
- 폴링샘 플명: NGW1(참조서열: AF065756)



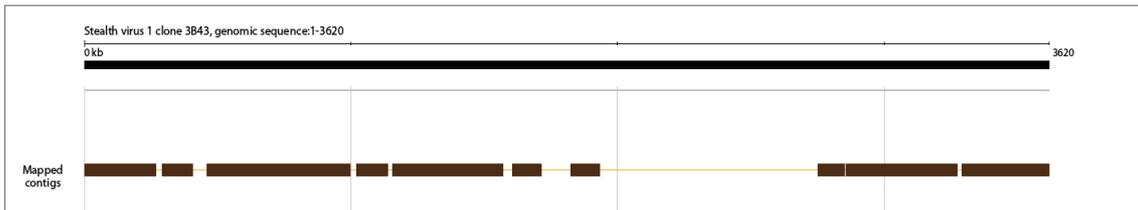
- 폴링샘 플명: NGW1(참조서열: AF191073)



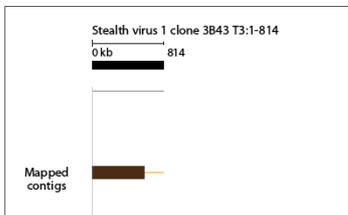
- 폴링샘플명: NGW2(참조서열: AF065755)



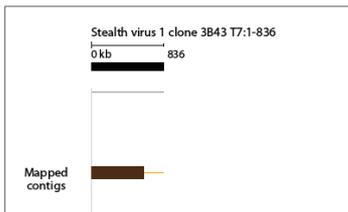
- 폴링샘플명: NGW2(참조서열: AF191073)



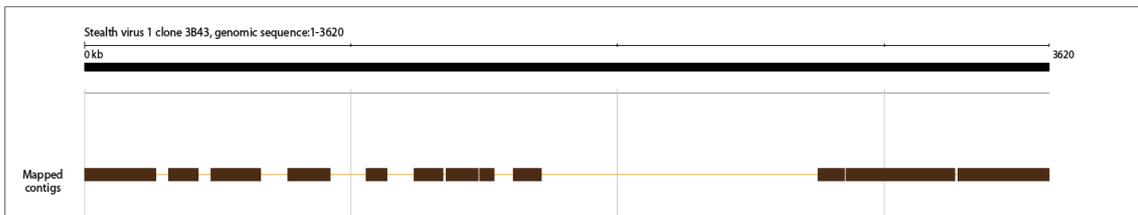
- 폴링샘플명: NUS1(참조서열: AF065755)



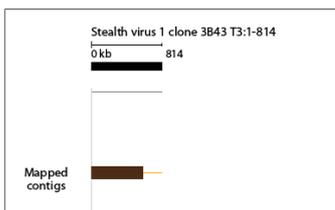
- 폴링샘플명: NUS1(참조서열: AF065756)



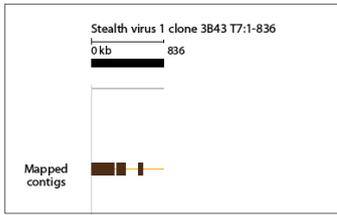
- 폴링샘플명: NCB1(참조서열: AF191073)



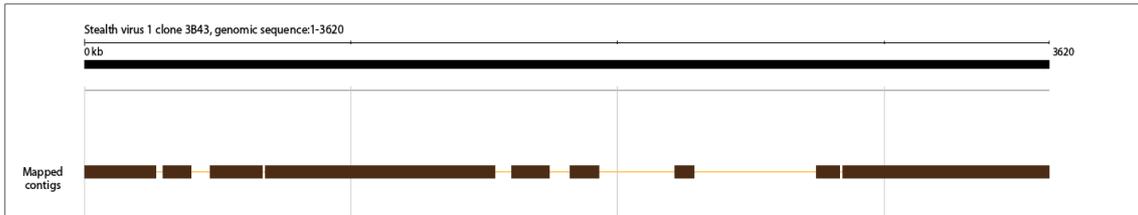
- 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: AF065755)



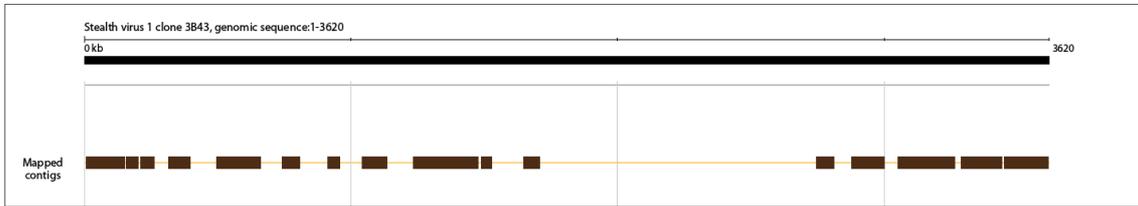
- 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: AF065756)



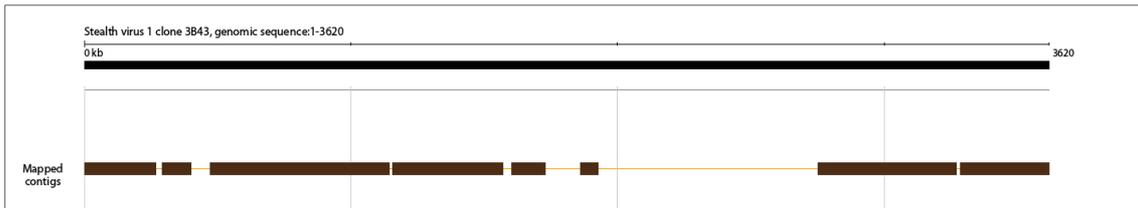
- 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: AF191073)



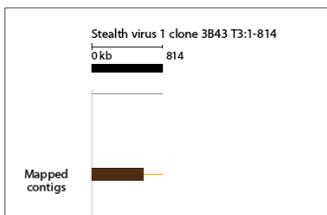
- 폴링샘플명: NJJ1(참조서열: AF191073)



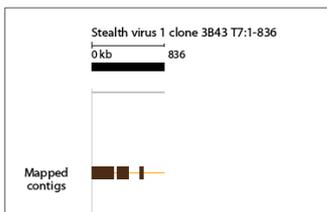
- 폴링샘플명: NUS2(참조서열: AF191073)



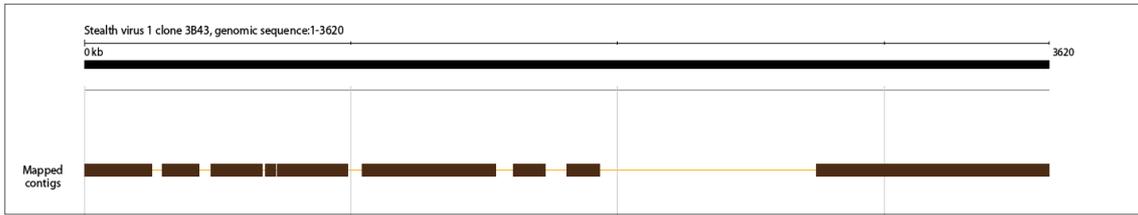
- 폴링샘플명: NUS3(참조서열: AF065755)



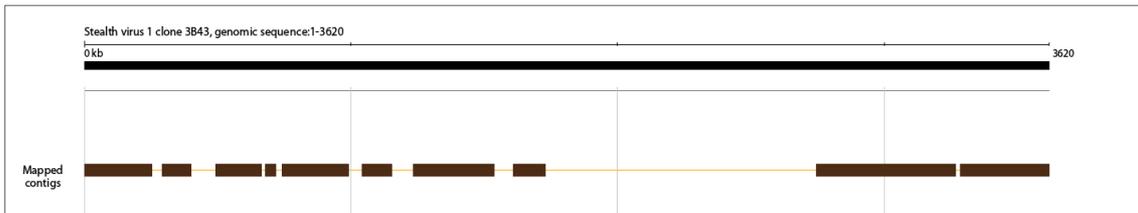
- 폴링샘플명: NUS3(참조서열: AF065756)



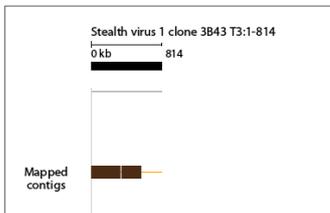
- 폴링샘플명: NUS3(참조서열: AF191073)



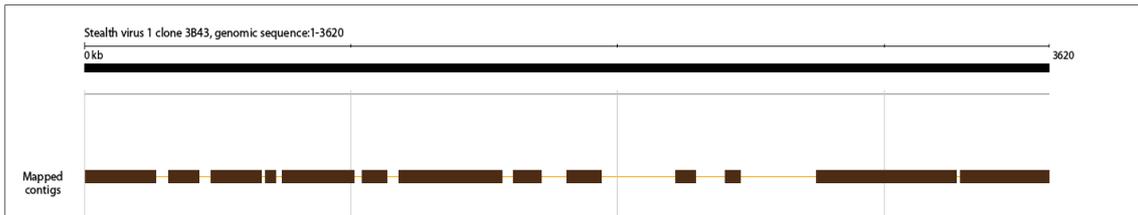
- 폴링샘플명: NDC2(참조서열: AF191073)



- 폴링샘플명: NHS1(참조서열: AF065755)

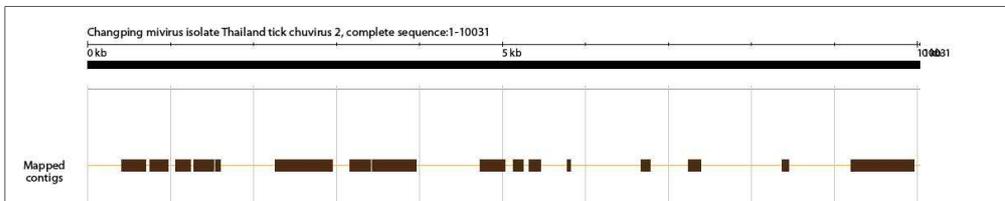


- 폴링샘플명: NHS1(참조서열: AF191073)



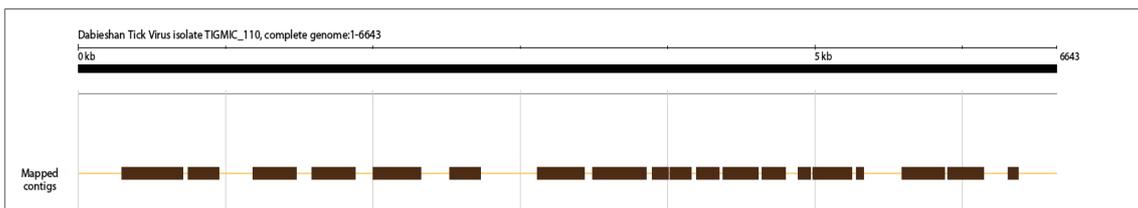
• Changping tick virus 2(전체 유전자 길이: 10kbp 이상)

- 폴링샘플명: NGGB1(참조서열: MN095545)

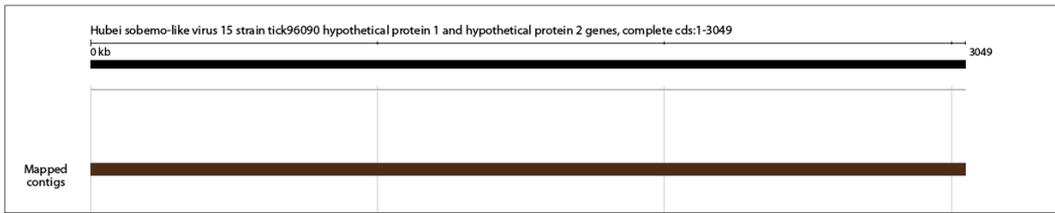


• Dabieshan uukuvirus(전체 유전자 길이: 6.6kb 이상)

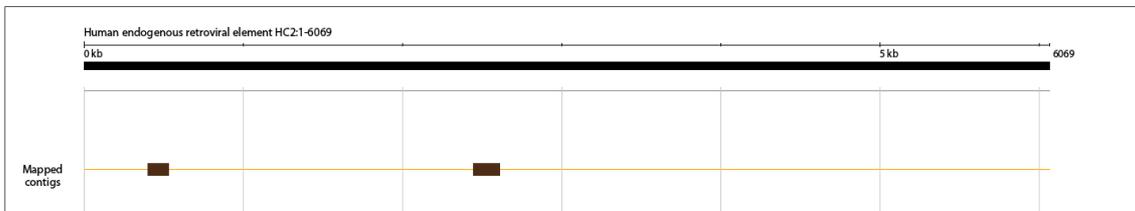
- 폴링샘플명: NGW1(참조서열: ON812444)



- Hubei sobemo-like virus 15(전체 유전자 길이: 미상)
 - 풀링샘 플명: NGW2(참조서열: KX882895)



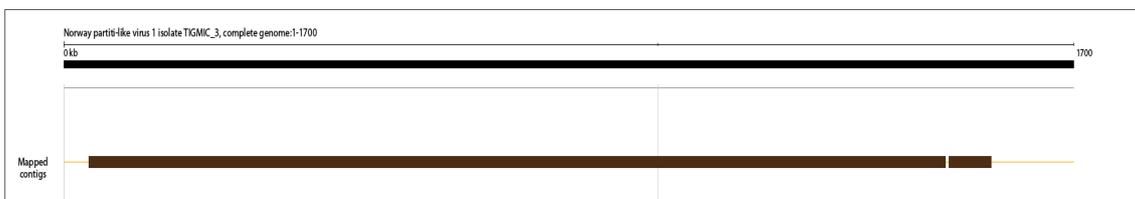
- Human endogenous retrovirus(전체 유전자 길이: 7~13kbp)
 - 풀링샘 플명: NDC1(참조서열: Z70664)



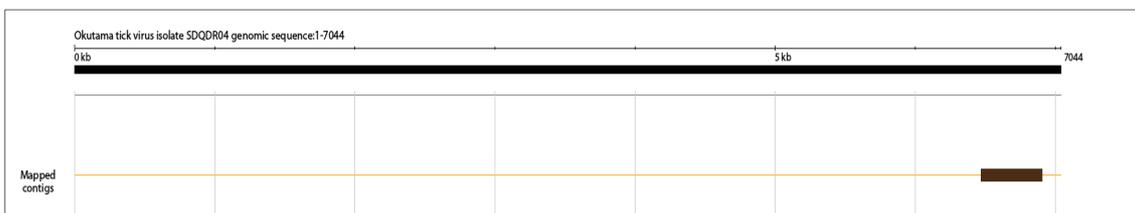
- *Iflavirus Ifron*(전체 유전자 길이: 약 7.4kbp 이상)
 - 풀링샘 플명: NHS1(참조서열: MT008333)



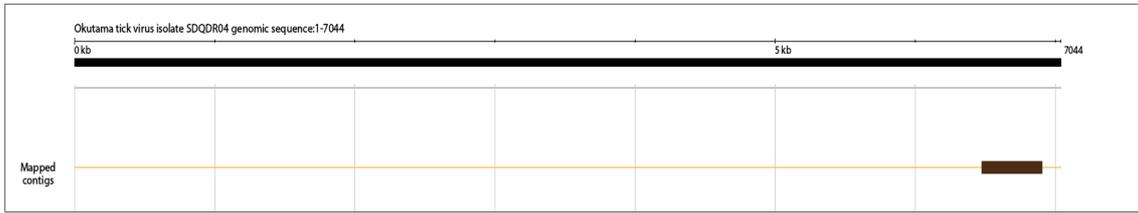
- Norway partiti-like virus 1(전체 유전자 길이: 미상)
 - 풀링샘 플명: NUS3(참조서열: ON812100)



- Okutama tick virus(전체 유전자 길이: 8.5kbp 이상)
 - 풀링샘 플명: NCB1(참조서열: OQ513686)



- 풀링샘 플명: NDC2(참조서열: OQ513686)



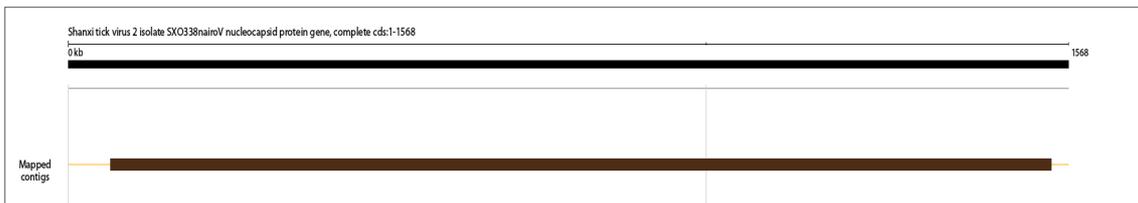
• Paguma larvata torque teno virus(전체 유전자 길이: 약 1.6~3.9kbp)

- 풀링샘 플명: NGGB1(참조서열: NC_076176)

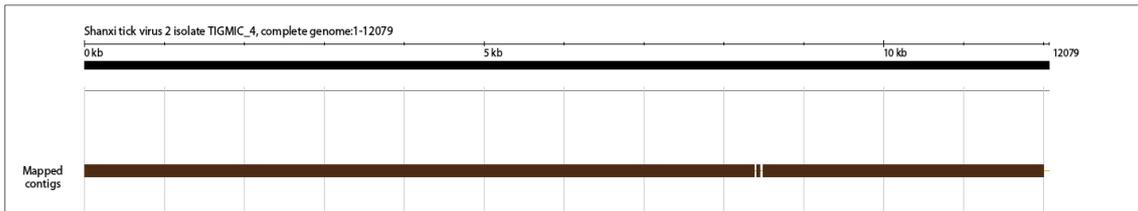


• Shanxi tick virus 2(전체 유전자 길이: 약 13kbp)

- 풀링샘 플명: NUS2(참조서열: MZ244237)

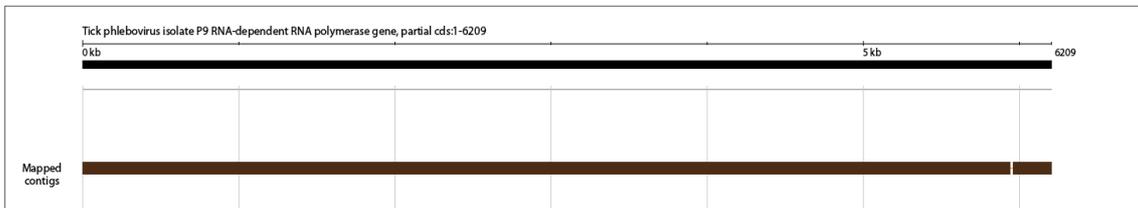


- 풀링샘 플명: NUS2(참조서열: ON811851)



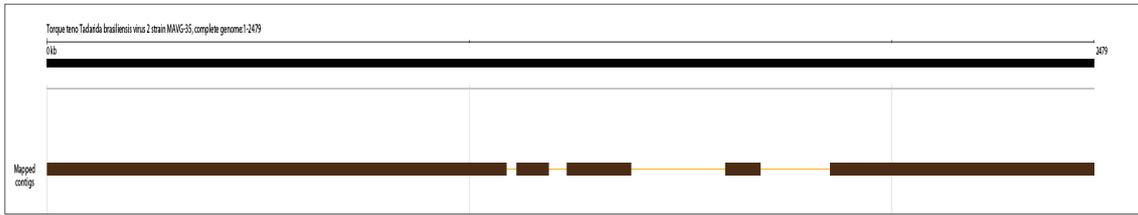
• Tick phlebovirus(전체 유전자 길이: 약 1.2kbp)

- 풀링샘 플명: NGGB1(참조서열: MN069029)

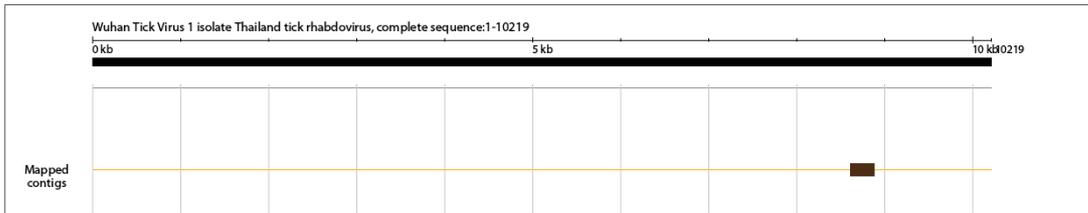


• Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2(전체 유전자 길이: 약 1.6~3.9kbp)

- 풀링샘 플명: NCB1(참조서열: OL704857)



- Wuhan tick virus 1(전체 유전자 길이: 약 10kbp)
 - 풀링샘플명: NGG1(참조서열: MN095536)



한편 국외의 포유류, 야생 조류 및 파충류에서 채집한 참진드기로 구성된 10개의 풀링 샘플을 분석한 결과, 총 21과의 바이러스를 확인하였다. 이 번 연구결과 과(Family) 수준에서 동정된 바이러스 contig 서열에 대한 read 수를 기준으로 시각화하였으며, 포유류 유래의 풀링 샘플에서는 17과, 야생 조류 유래의 풀링 샘플에서는 10과, 그리고 파충류 유래의 풀링 샘플에서는 4과의 바이러스를 확인하였다(그림 139). 과 수준에서 확인되지 않으나 종 수준에서는 동정된 바이러스 read 수 또한 그림 139에 함께 표현되었다. 국외의 풀링 샘플 중 베트남의 포유류 유래의 풀링 샘플 2개(NVN1, NVC1)을 제외한 모든 샘플에서 *Herpesviridae*가 확인되었다. 포유류 유래의 풀링 샘플에서 확인된 바이러스 중 대부분의 바이러스 read는 *Phenuiviridae*, *Poxviridae*, 그리고 *Dicistroviridae*로 확인되었다. 또한 야생 조류 유래의 풀링 샘플 중, 2개 샘플 모두에서 공통적으로 확인된 *Herpesviridae*와 일본 유래의 풀링 샘플(NJP1)의 *Arenaviridae*를 제외한 나머지 8과의 바이러스는 모두 몽골 유래의 풀링 샘플(NMG1)에서 확인되었다. 파충류 유래의 풀링 샘플에서는 주로 *Herpesviridae*와 *Phenuiviridae*에 속하는 바이러스 read가 확인되었다.

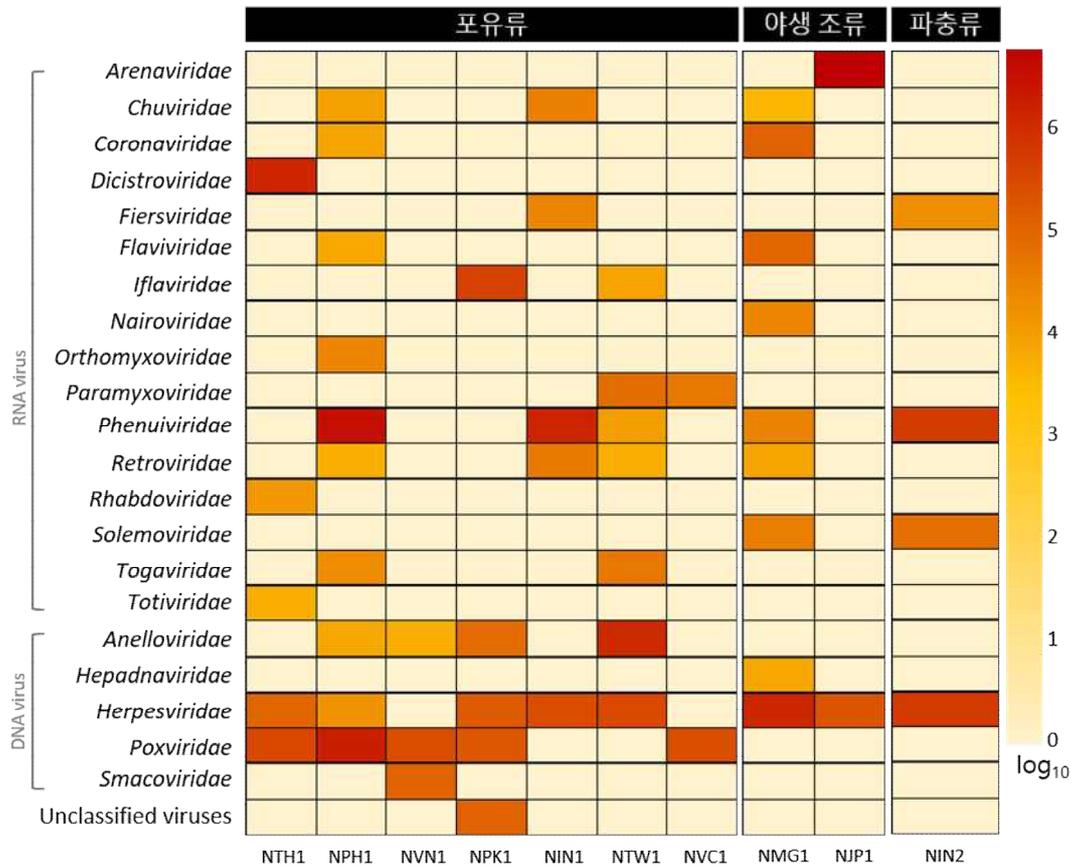


그림 139. 국외에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 NGS를 통해 확인된 바이러스의 상대적 분포도.

바이러스 21과의 해당하는 contig 서열을 계통학적 하위 단계인 종(species) 수준에서 분석한 결과, 총 40종의 바이러스를 확인하였다. 먼저 국외의 포유류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 27종의 바이러스를 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 2개부터 최대 452,279개의 바이러스 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 바이러스 종에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 140). 베트남 유래의 샘플(NVN1, NVC1)을 제외한 모든 풀링 샘플에서 Cercopithecine betaherpesvirus 5에 해당하는 contig 서열이 확인되었으며, 이어서 태국, 필리핀, 베트남, 파키스탄 유래의 5개의 풀링 샘플(NTH1, NPH1, NVN1, NPK1, NVC1)에서 orf virus에 해당하는 contig 서열이 공통적으로 확인되었다. 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 3종의 바이러스(Chikungunya virus, orf virus, Semliki Forest virus)와 사람에서 질병을 유발할 수 있는 3종의 바이러스(Human alphaherpesvirus 1, human respirovirus 3 및 severe acute respiratory syndrome-related coronavirus)가 검출되었다.

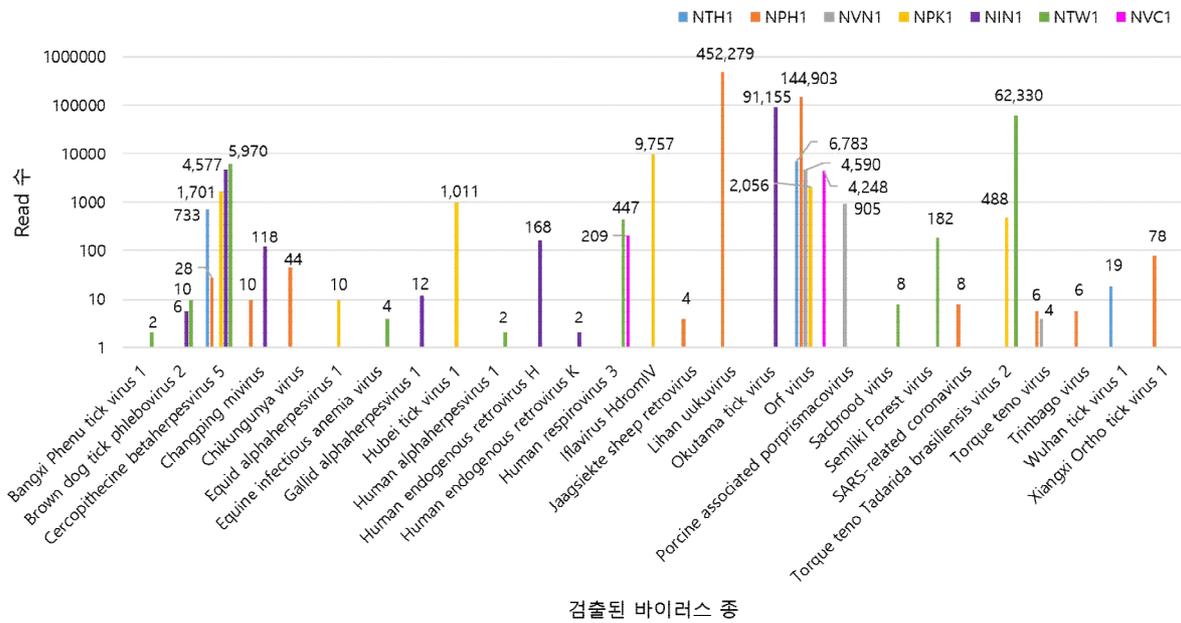


그림 140. 국외의 포유류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 검출된 바이러스.

국외의 야생 조류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 16종의 바이러스를 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 2개부터 최대 1,284,909개의 바이러스 read가 계수되었고, 참고 서열에 해당하는 바이러스 종에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 141). 2개의 샘플 모두에서 Cercopithecine betaherpesvirus 5에 해당하는 contig 서열이 확인되었으며, 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 2종의 바이러스(Beiji nairovirus, Guanarito mammarenavirus)와 사람에서 질병을 유발할 수 있는 6종의 바이러스(Human alphaherpesvirus 1, human betaherpesvirus 5, human gammaherpesvirus 4, human gammaherpesvirus 8, human immunodeficiency virus 1 및 severe acute respiratory syndrome-related coronavirus)가 검출되었다.

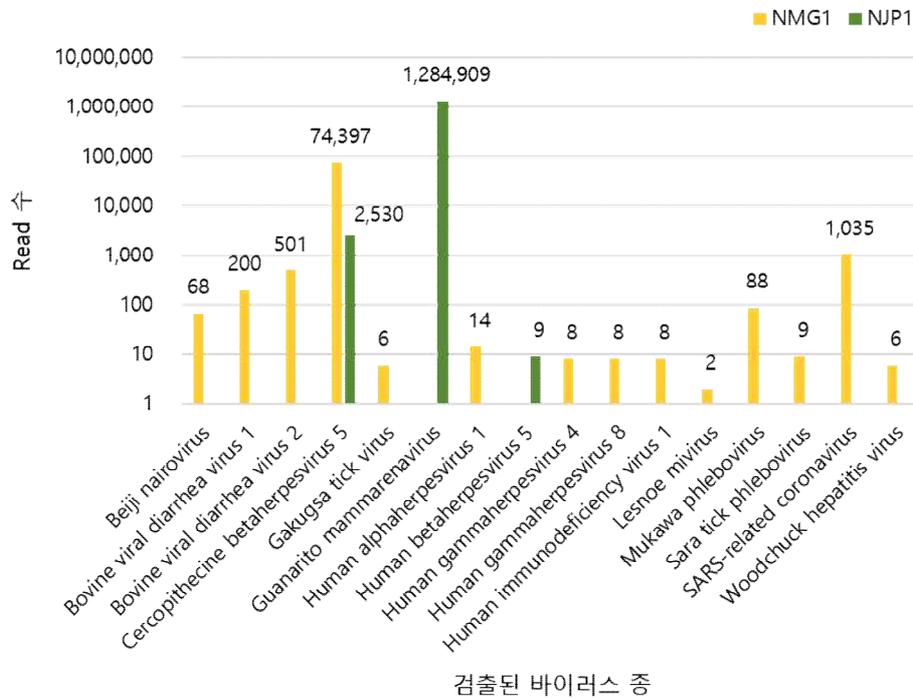


그림 141. 국외의 야생 조류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 바이러스.

국외의 파충류로부터 채집한 참진드기 폴링 샘플에서는 3종의 바이러스를 확인하였으며, 적게는 18개부터 최대 17,184개의 바이러스 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 바이러스 종에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 142).

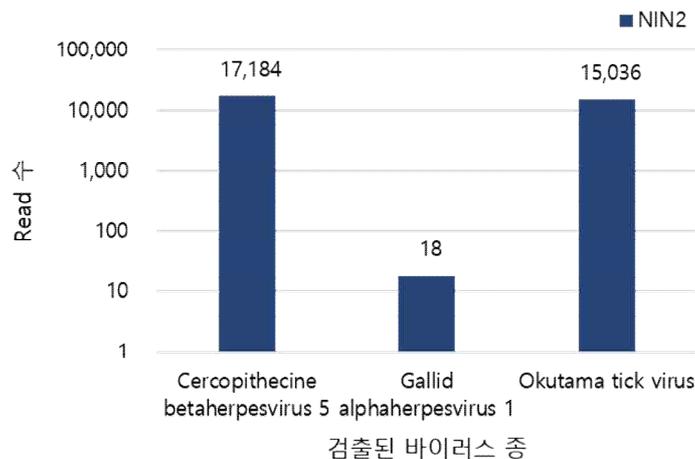


그림 142. 국외의 파충류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 바이러스.

결과적으로 국외의 폴링샘플로부터 확인된 40종의 바이러스 중 인수공통감염병을 유발하는 5종의 바이러스, 사람에서 병원성을 나타내는 7종의 바이러스, 동물에서 병원성을 나타내는 8종의 바이러스, 그리고 병원성이 밝혀지지 않은 20종의 바이러스가 검출되었고 목록은 표 63과 같다.

표 63. 국외의 참진드기로부터 NGS 분석 결과 검출된 바이러스의 목록

구분	바이러스 종	합계
인수공통감염성 바이러스	Beiji nairovirus	5종
	Chikungunya virus	
	Guanarito mammarenavirus	
	<i>Orf virus</i>	
	Semliki Forest virus	
사람 병원성 바이러스	Human alphaherpesvirus 1	7종
	Human betaherpesvirus 5	
	Human gammaherpesvirus 4	
	Human gammaherpesvirus 8	
	Human immunodeficiency virus 1	
	Human respirovirus 3	
동물 병원성 바이러스	SARS-related coronavirus	8종
	Bovine viral diarrhea virus 1	
	Bovine viral diarrhea virus 2	
	Equid alphaherpesvirus 1	
	Equine infectious anemia virus	
	Gallid alphaherpesvirus 1	
	Jaagsiekte sheep retrovirus	
	Sacbrood virus	
Woodchuck hepatitis virus		
병원성이 밝혀지지 않은 바이러스	Bangxi Phenu tick virus 1	20종
	Brown dog tick phlebovirus 2	
	Cercopithecine betaherpesvirus 5	
	Changping mivirus	
	Gakugsa tick virus	
	Hubei tick virus 1	
	Human endogenous retrovirus H	
	Human endogenous retrovirus K	
	Iflavirus HdromIV	
	Lesnoe mivirus	
	Lihan uukuvirus	
	Mukawa phlebovirus	
	Okutama tick virus	
	Porcine associated porprismacovirus	
	Sara tick phlebovirus	
	Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2	
Torque teno virus		
Trinbago virus		
Wuhan tick virus 1		
Xiangxi Ortho tick virus 1		
합계	40종	

또한 국외의 참진드기로부터 검출된 바이러스를 채집한 동물 종과 병원성에 따라 그림 143과 같이 시각화하였다. 국외의 파충류와 포유류에서 채집한 참진드기로부터 공통적으로 확인된 바이러스는 동물에서 병원성을 나타내는 Gallid alphaherpesvirus 1 그리고 기타 병원체로 구분되는 Okutama tick virus 임을 확인하였다. 또한 국외의 포유류와 야생조류로부터 채집한 참진드기로부터 공통적으로 확인된 바이러스는 사람에서 병원성을 나타내는 Human alphaherpesvirus 1과 SARS-related coronavirus임을 확인하였다.

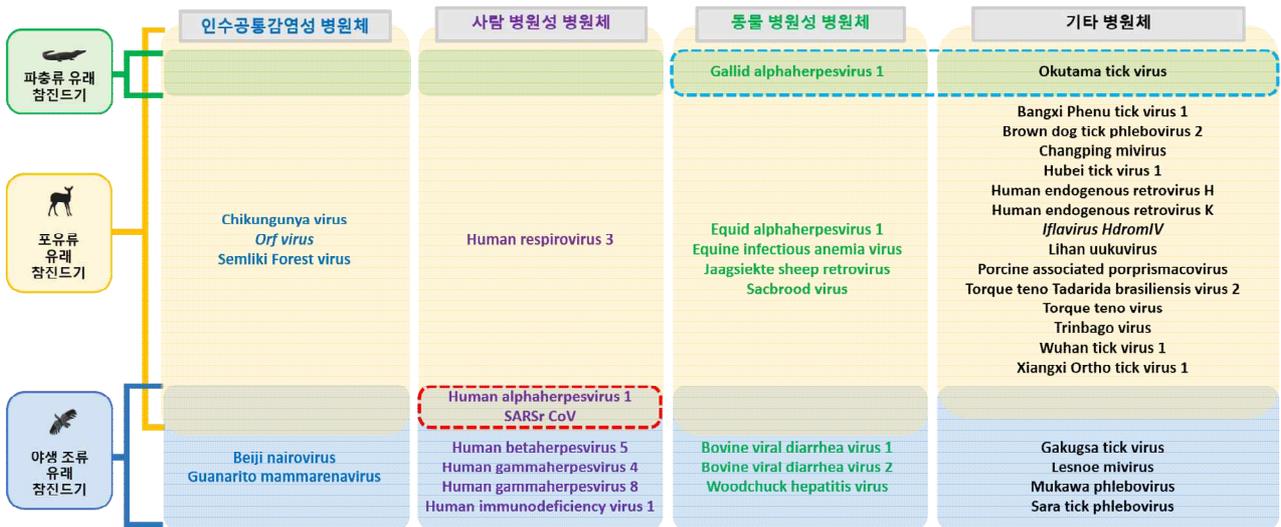
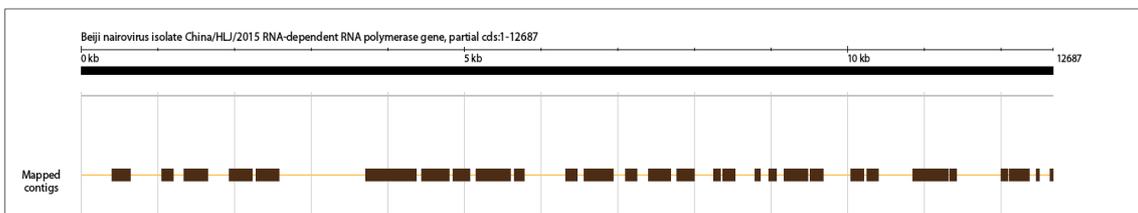


그림 143. NGS 분석을 통해 국외에서 수집된 참진드기로부터 NGS 분석을 통해 검출된 바이러스의 동물 종 및 병원성에 따른 구분. 파충류, 포유류, 야생 조류에서 채집한 참진드기 모두에서 공통적으로 확인된 Cercopithecine betaherpesvirus 5는 병원성이 알려진 바 없는 기타 병원체로 구분되지만 이 그림 상에는 표기되지 않음. SARSr CoV, severe acute respiratory syndrome-related coronavirus.

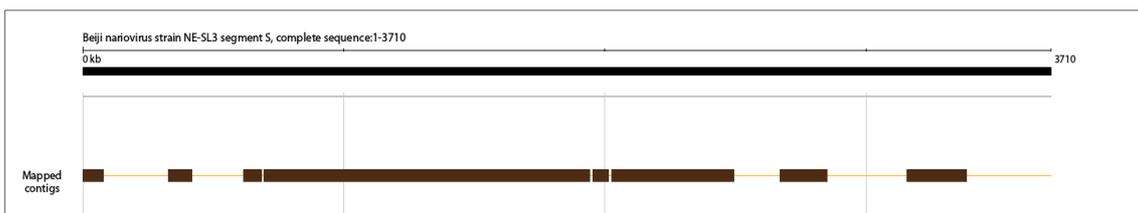
검출된 바이러스와 NCBI 참조서열의 유전자 염기서열을 대조하여, 각각의 바이러스에 대한 유전자 염기서열 지도를 다음과 같이 시각화하였다.

가) 인수공통감염병을 유발하는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

- Beiji nairovirus(전체 유전자 길이: 12kbp 이상)
 - 풀링샘플명: NMG1(참조서열: MG880120)

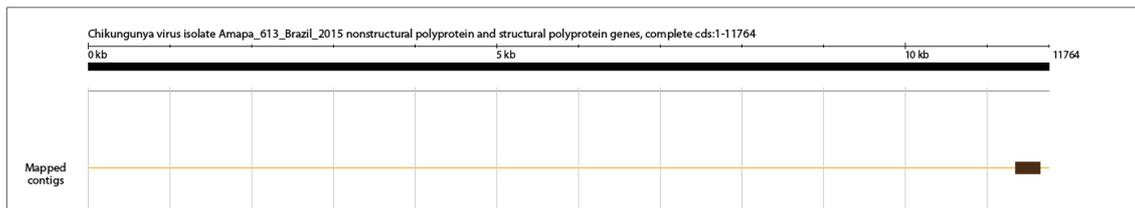


- 풀링샘플명: NMG1(참조서열: ON408097)



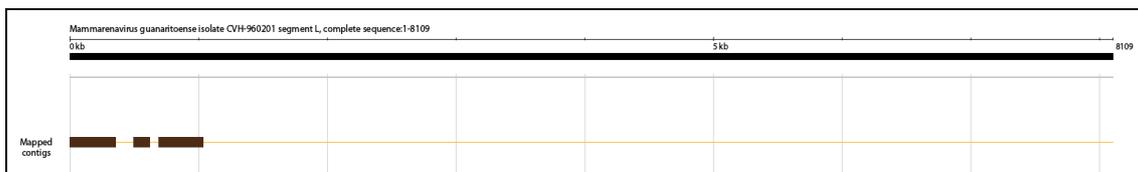
- Chikungunya virus(전체 유전자 길이: 약 11.8kbp)

- 폴링샘플명: NPH1(참조서열: OL343610)



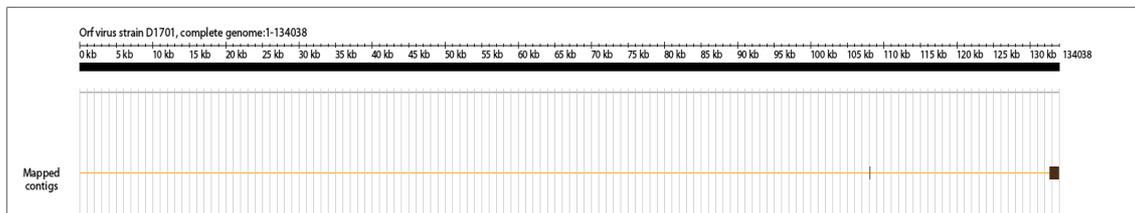
- Guanarito mammarenavirus(전체 유전자 길이: 11.4kbp 이상)

- 폴링샘플명: NJP1(참조서열: KU746283)

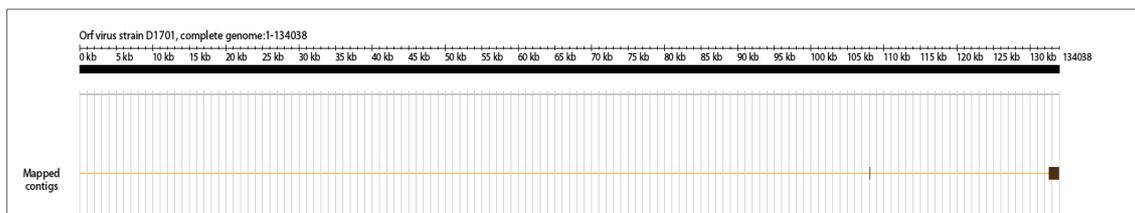


- Orf virus(전체 유전자 길이: 약 137kbp)

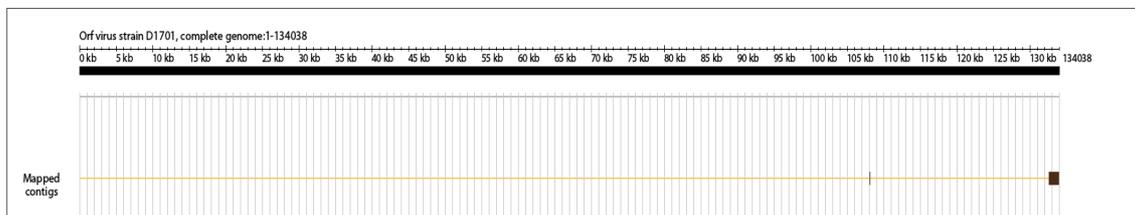
- 폴링샘플명: NTH1(참조서열: HM133903)



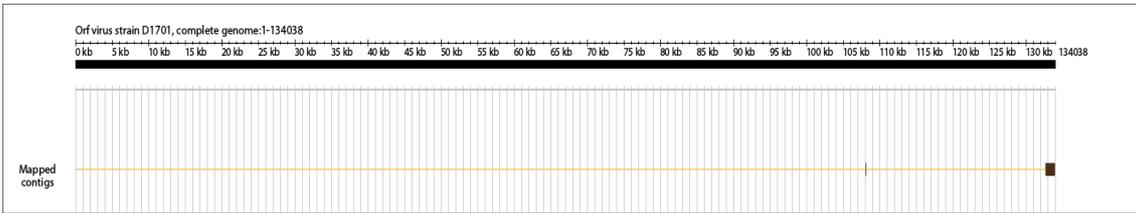
- 폴링샘플명: NPH1(참조서열: HM133903)



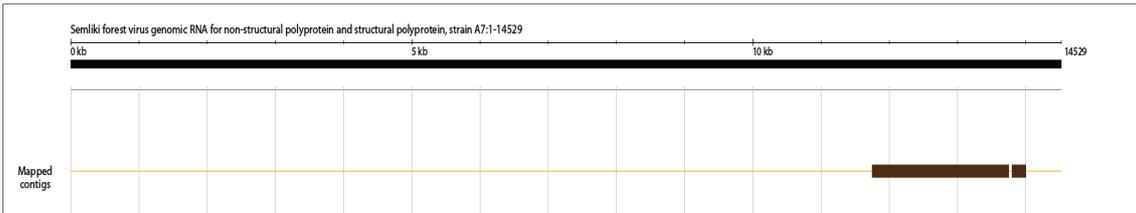
- 폴링샘플명: NVN1(참조서열: HM133903)



- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: HM133903)

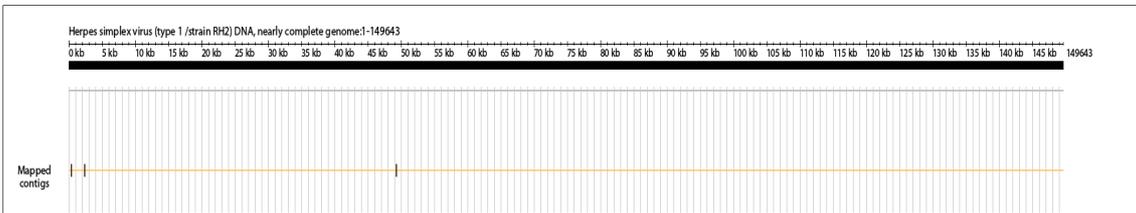


- Semliki Forest virus(전체 유전자 길이: 약 14.5kbp)
 - 폴링샘플명: NTW1(참조서열: Z48163)

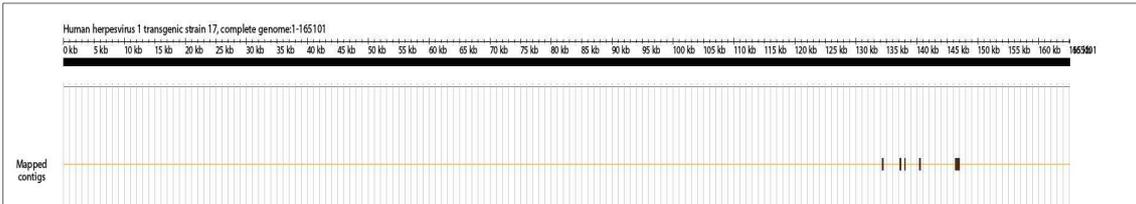


나) 사람에서 병원성을 나타내는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

- Human alphaherpesvirus 1(전체 유전자 길이: 약 165kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: AB618031)

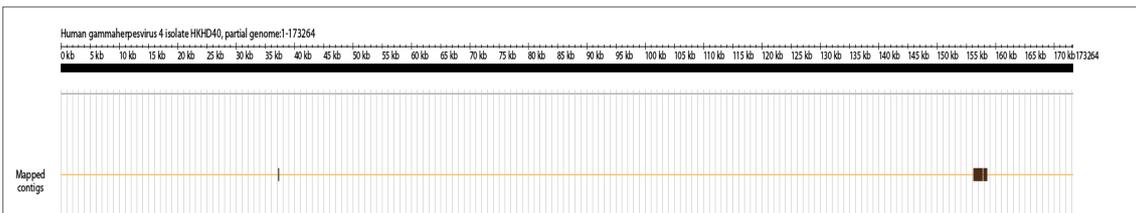


- 폴링샘플명: NTW1(참조서열: FJ593289)

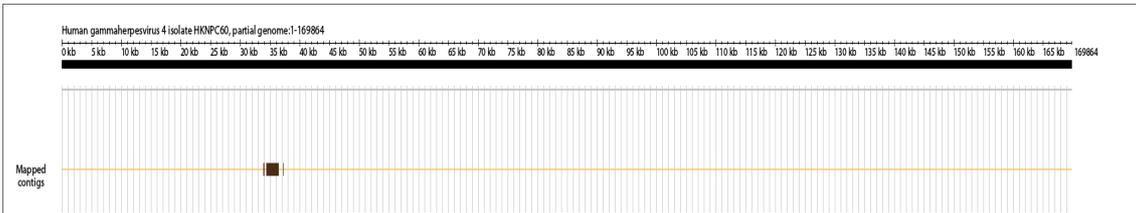


- Human betaherpesvirus 5(전체 유전자 길이: 약 232kbp)
 - 폴링샘플명: NJP1
 - 참조서열에 대한 coverage 반올림 값이 0%로, 맵 작성 미실시

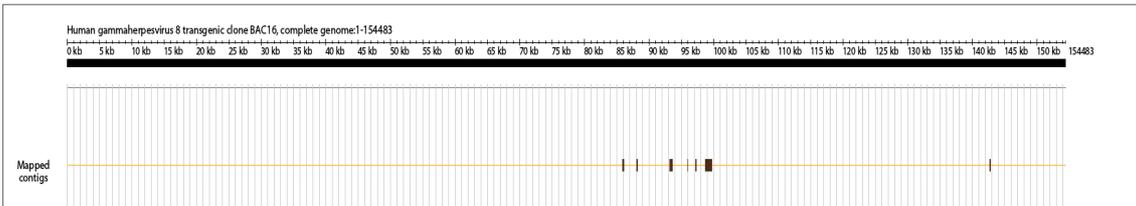
- Human gammaherpesvirus 4(전체 유전자 길이: 약 173kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: MH590409)



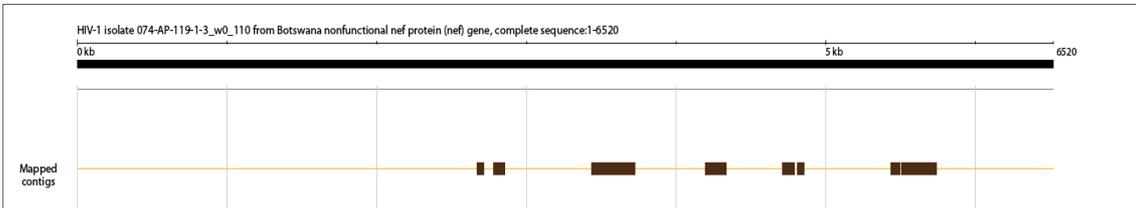
- 폴링샘플명: NMG1(참조서열: MH590571)



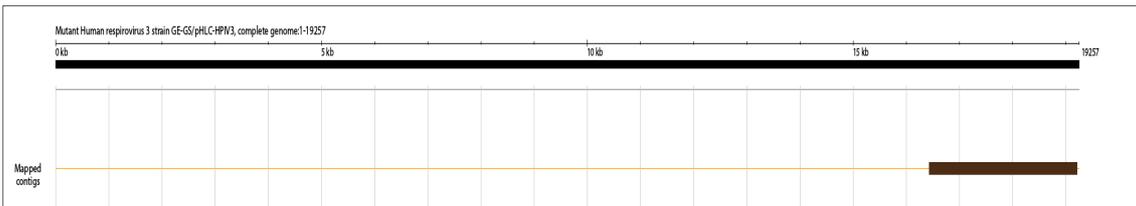
- Human gammaherpesvirus 8(전체 유전자 길이: 약 170kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: MK733609)



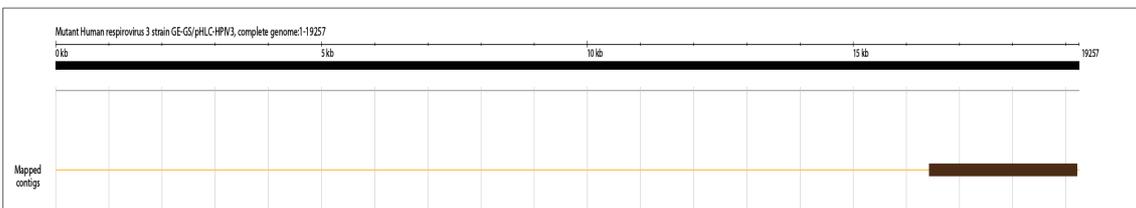
- Human immunodeficiency virus 1(전체 유전자 길이: 약 9.2kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: MZ766785)



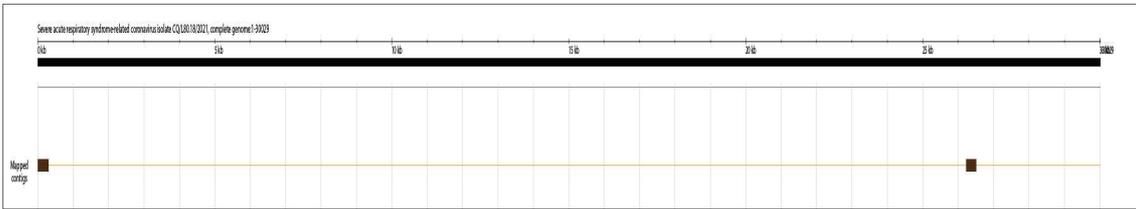
- Human respirovirus 3(전체 유전자 길이: 약 19kbp)
 - 폴링샘플명: NTW1(참조서열: OP821798)



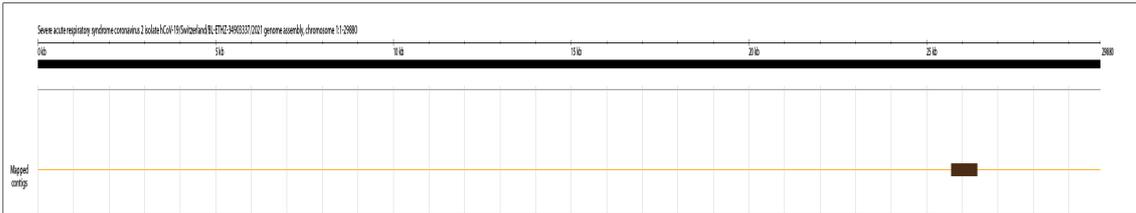
- 폴링샘플명: NVC1(참조서열: OP821798)



- SARS-related coronavirus(전체 유전자 길이: 약 30kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: OQ237705)



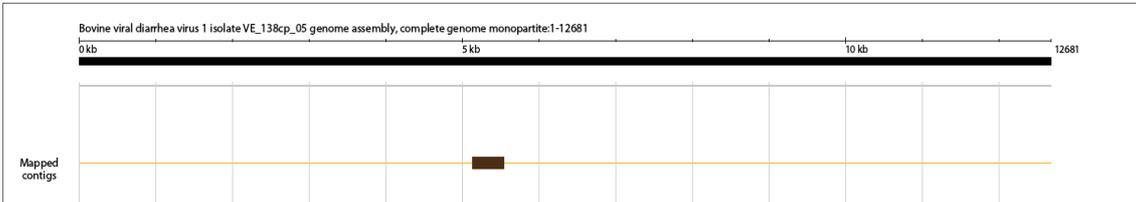
- 풀링샘 플명: NPH1(참조서열: OV178357)



다) 동물에서 병원성을 나타내는 바이러스의 유전자 염기서열 지도

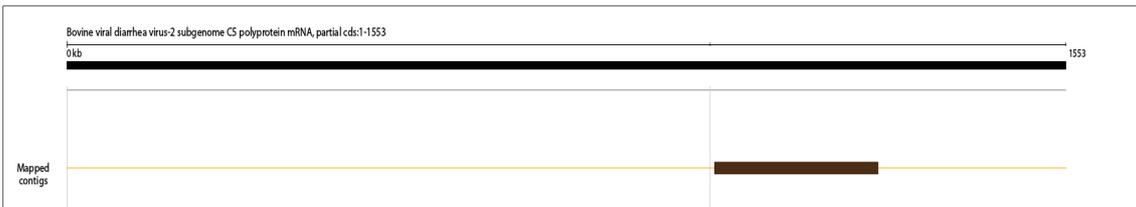
• Bovine viral diarrhea virus 1(전체 유전자 길이: 약 12.5kbp)

- 풀링샘 플명: NMG1(참조서열: LT907991)

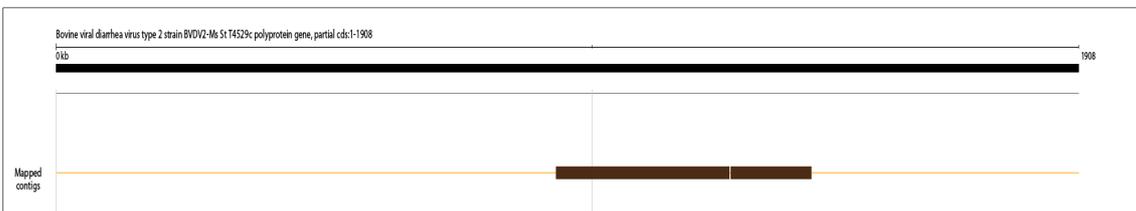


• Bovine viral diarrhea virus 2(전체 유전자 길이: 약 12.5kbp)

- 풀링샘 플명: NMG1(참조서열: AF104025)

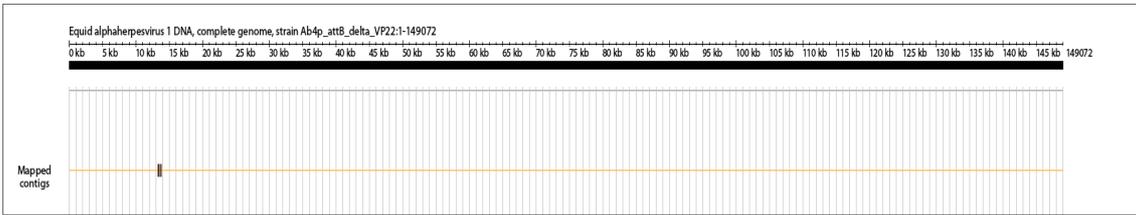


- 풀링샘 플명: NMG1(참조서열: AF268174)

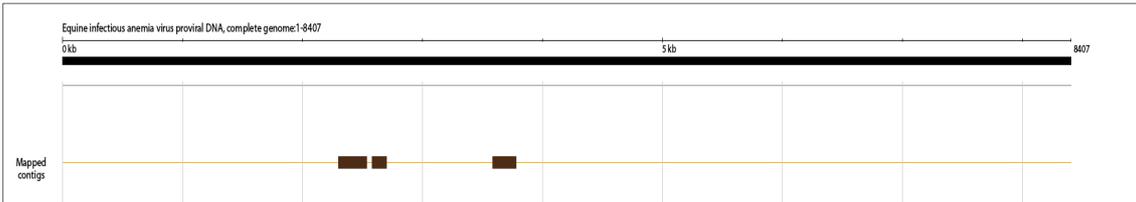


• Equid alphaherpesvirus 1(전체 유전자 길이: 약 150kbp)

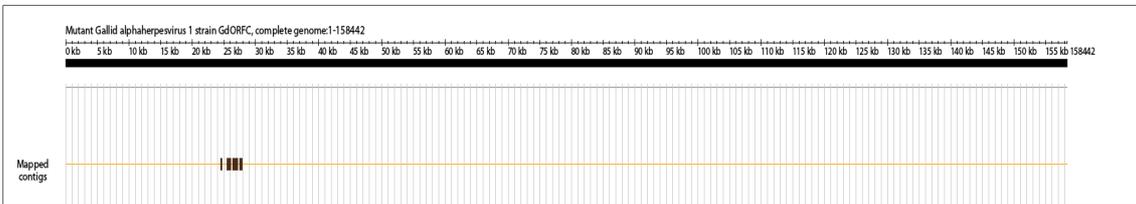
- 풀링샘 플명: NPK1(참조서열: LC193725)



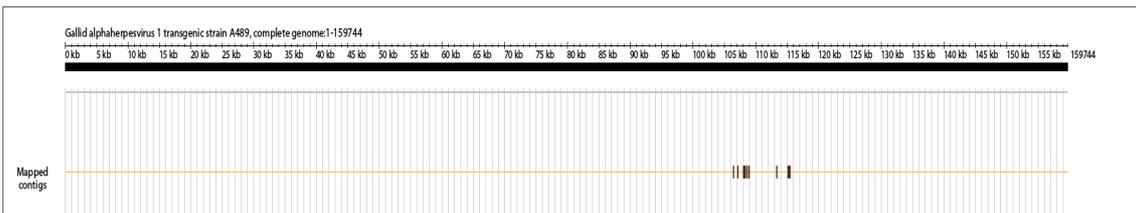
- Equine infectious anemia virus(전체 유전자 길이: 약 8.4kbp)
 - 폴링샘플명: NTW1(참조서열: M16575)



- Gallid alphaherpesvirus 1(전체 유전자 길이: 약 148kbp)
 - 폴링샘플명: NIN1(참조서열: KX165321)



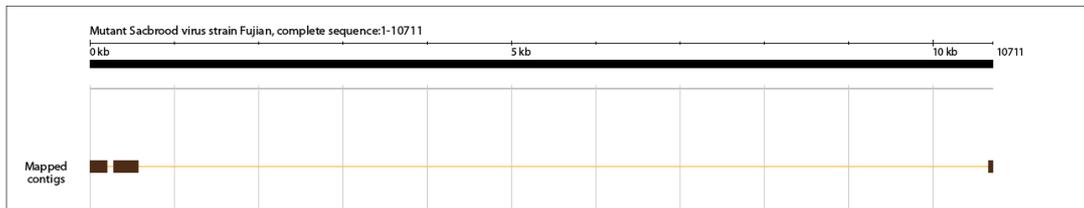
- 폴링샘플명: NIN2(참조서열: KY423284)



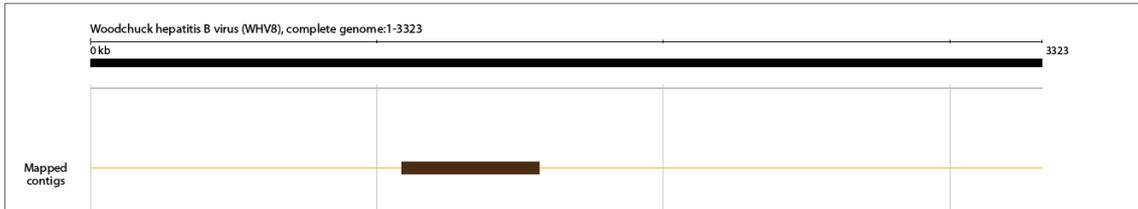
- Jaagsiekte sheep retrovirus(전체 유전자 길이: 약 11.7kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NPH1(참조서열: AF357971)



- Sacbrood virus(전체 유전자 길이: 약 8.8~10.7kbp)
 - 폴링샘플명: NTW1(참조서열: MN528599)

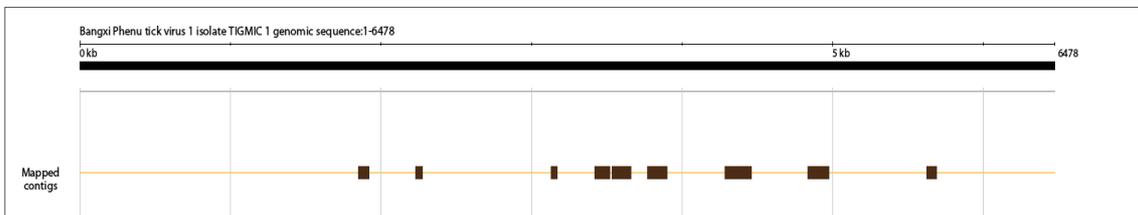


- Woodchuck hepatitis virus(전체 유전자 길이: 약 3.3kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: J04514)

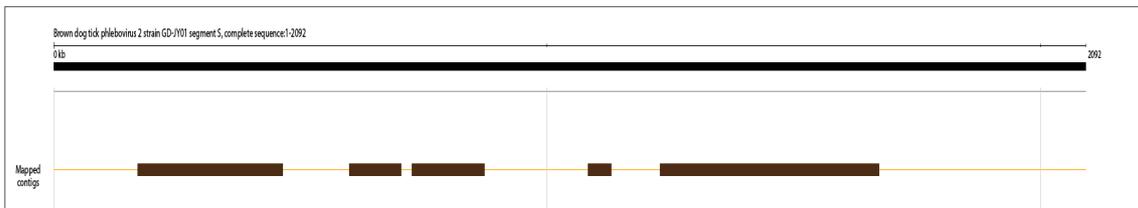


라) 병원성이 밝혀지지 않은 바이러스의 유전자 염기서열 지도

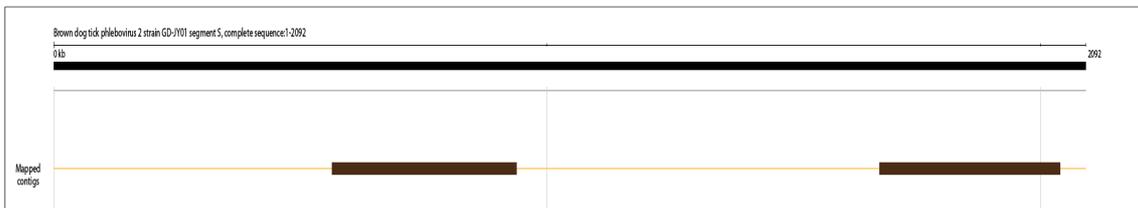
- Bangxi Phenu tick virus 1(전체 유전자 길이: 약 6.4kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NTW1(참조서열: ON746499)



- Brown dog tick phlebovirus 2(전체 유전자 길이: 8.6kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NIN1(참조서열: OM326753)



- 폴링샘플명: NTW1(참조서열: OM326753)



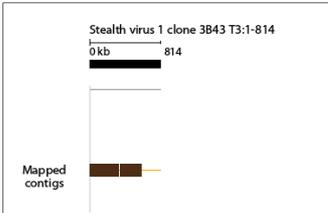
- Cercopithecine betaherpesvirus 5(Stealth virus) (전체 유전자 길이: 약 200kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: AF065755)



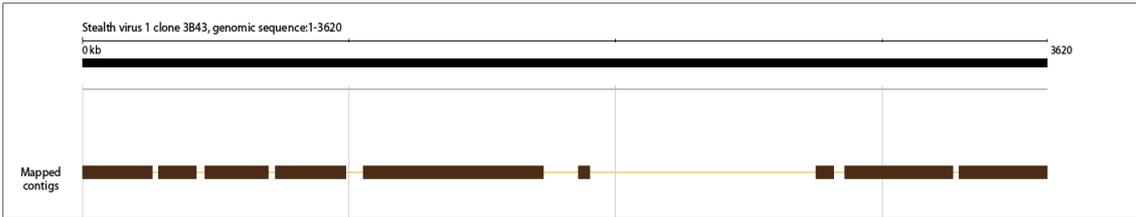
- 폴링샘플명: NMG1(참조서열: AF191073)



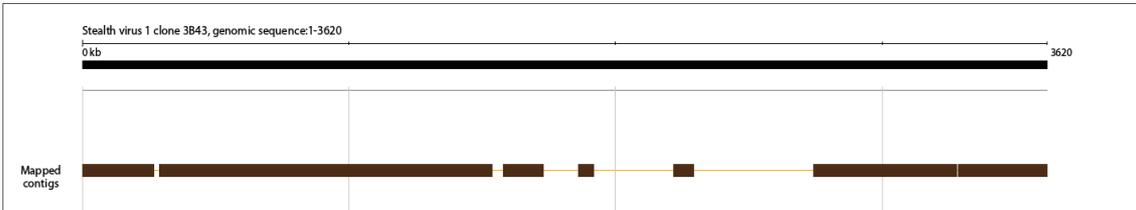
- 폴링샘플명: NPH1(참조서열: AF065755)



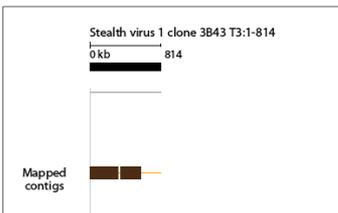
- 폴링샘플명: NIN1(참조서열: AF191073)



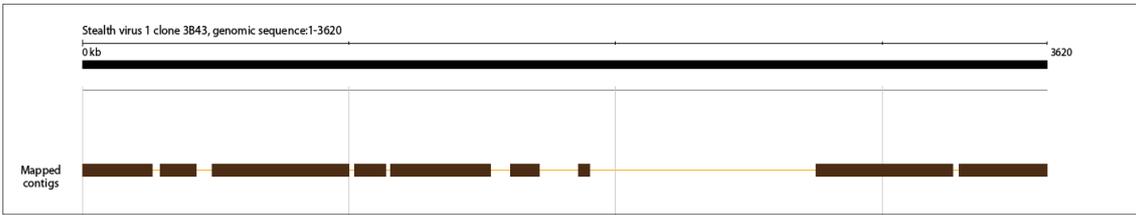
- 폴링샘플명: NIN2(참조서열: AF191073)



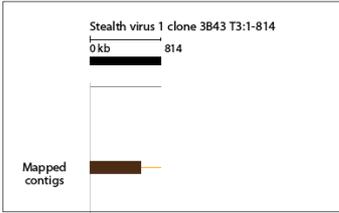
- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: AF065755)



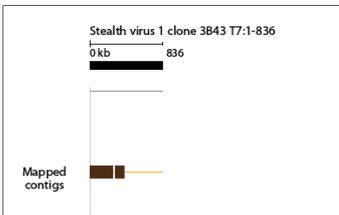
- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: AF191073)



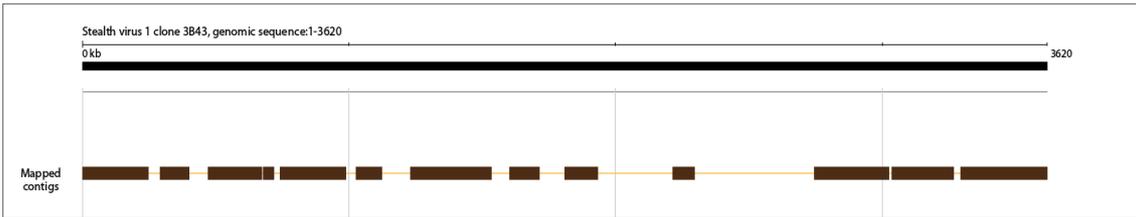
- 폴링샘플명: NTW1(참조서열: AF065755)



- 폴링샘플명: NTW1(참조서열: AF065756)

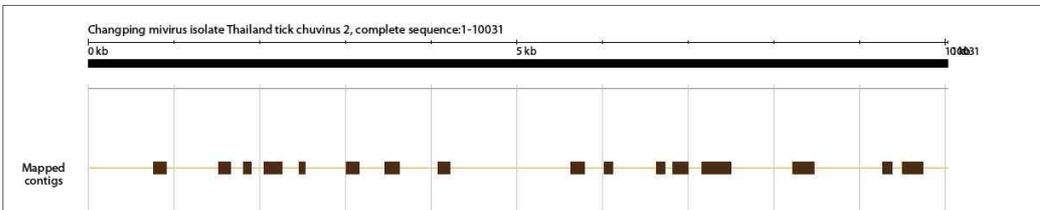


- 폴링샘플명: NJP1(참조서열: AF191073)

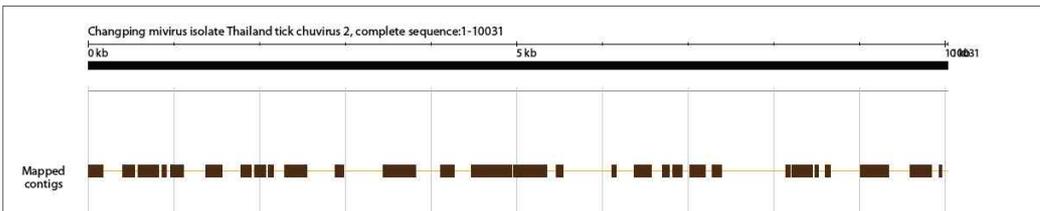


• Changping mivirus(전체 유전자 길이: 약 10.8kbp)

- 폴링샘플명: NPH1(참조서열: MN095545)

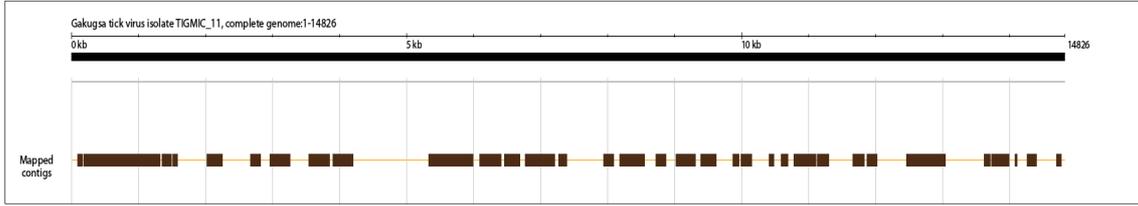


- 폴링샘플명: NIN1(참조서열: MN095545)



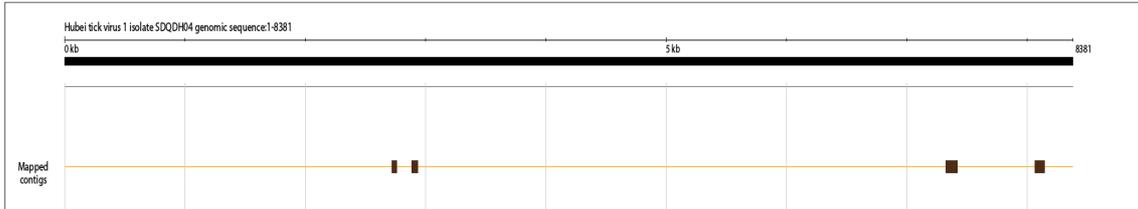
• Gakugsa tick virus(전체 유전자 길이: 약 14.8kbp)

- 폴링샘플명: NMG1(참조서열: ON811927)



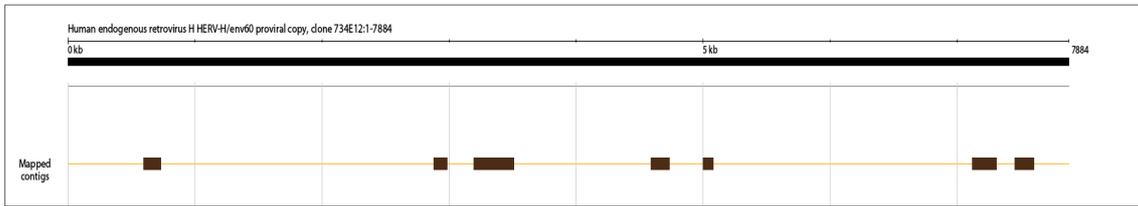
• Hubei tick virus 1(전체 유전자 길이: 9.4kbp 이상)

- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: OQ513642)



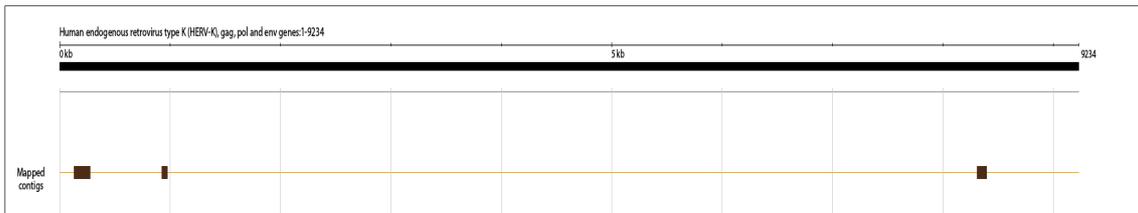
• Human endogenous retrovirus H(전체 유전자 길이: 약 9kbp)

- 폴링샘플명: NIN1(참조서열: AJ289710)



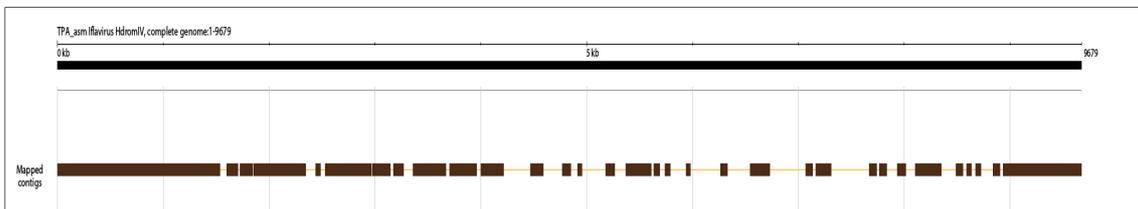
• Human endogenous retrovirus K(전체 유전자 길이: 약 9kbp)

- 폴링샘플명: NIN1(참조서열: Y18890)

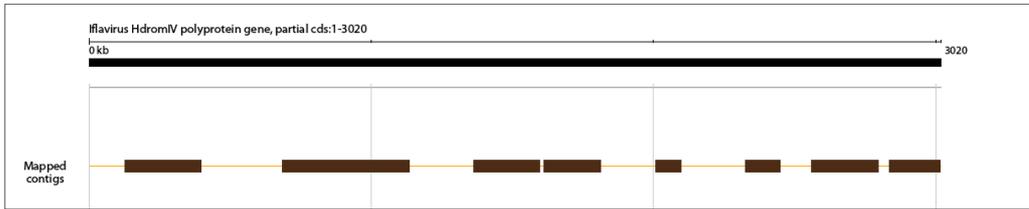


• *Flavivirus HdromIV*(전체 유전자 길이: 약 9.6kbp 이상)

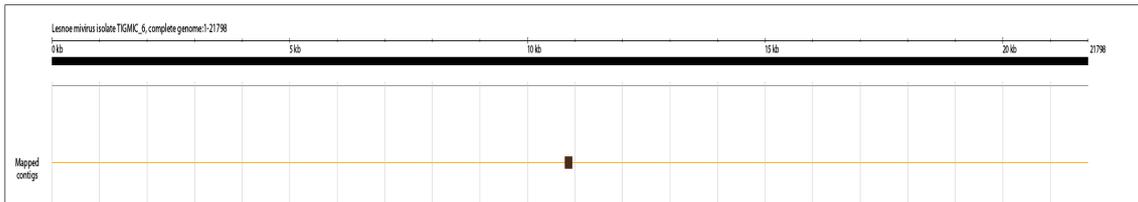
- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: BK012003)



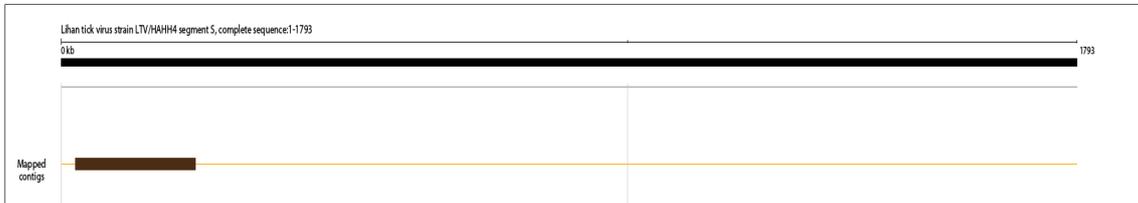
- 폴링샘플명: NPK1(참조서열: MZ567077)



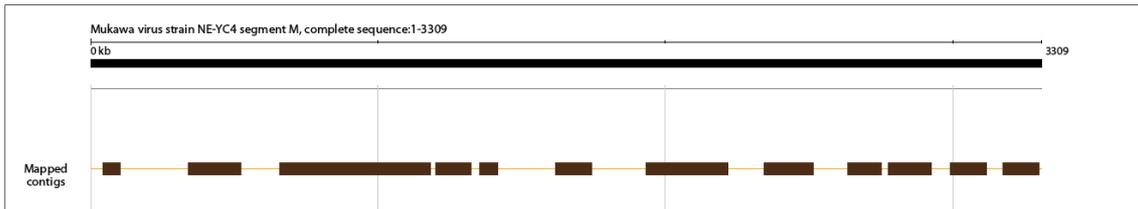
- Lesnoe mivirus(전체 유전자 길이: 약 21kbp)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: OP628502)



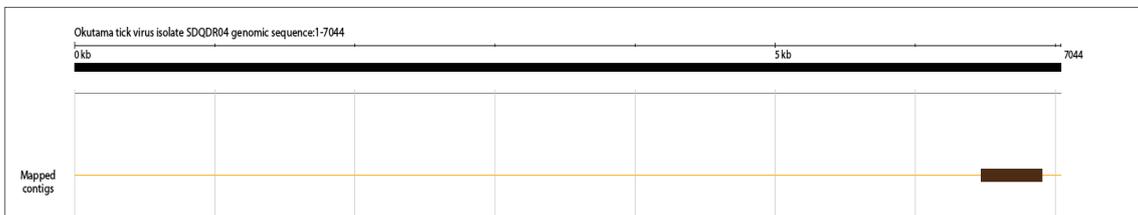
- Lihan uukuvirus(전체 유전자 길이: 약 11.5kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NPH1(참조서열: MW721920)



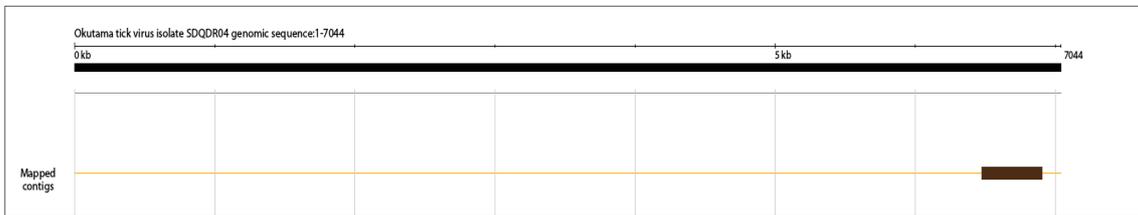
- Mukawa phlebovirus(전체 유전자 길이: 미상)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: ON408118)



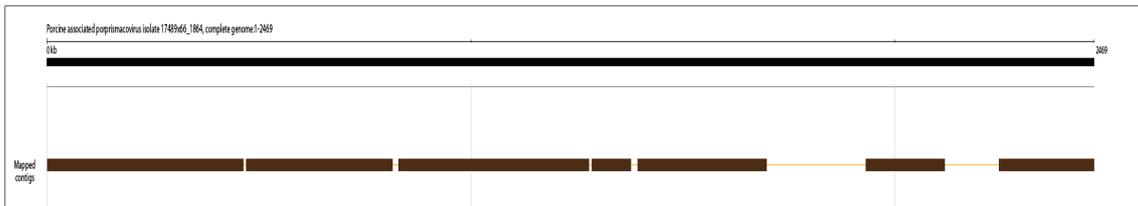
- Okutama tick virus(전체 유전자 길이: 8.5kbp 이상)
 - 폴링샘플명: NIN1(참조서열: OQ513686)



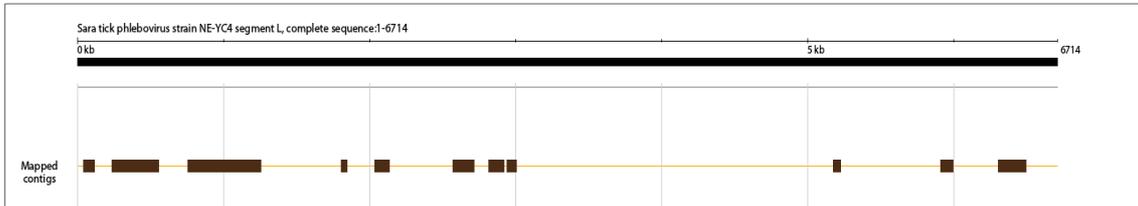
- 폴링샘플명: NIN2(참조서열: OQ513686)



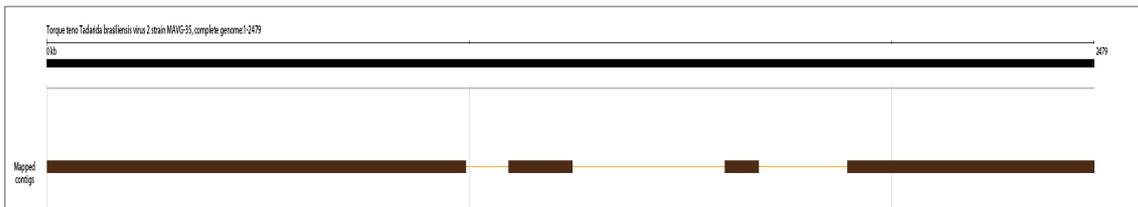
- Porcine associated porprismacovirus(전체 유전자 길이: 미상)
 - 폴링샘플명: NIN1(참조서열: MH500309)



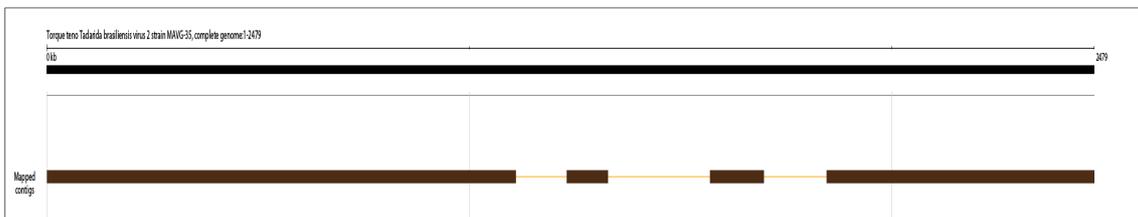
- Sara tick phlebovirus(전체 유전자 길이: 미상)
 - 폴링샘플명: NMG1(참조서열: ON408148)



- Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2(전체 유전자 길이: 약 1.6~3.9kbp)
 - 폴링샘플명: NPK1(참조서열: OL704857)



- 폴링샘플명: NTW1(참조서열: OL704857)



- Torque teno virus(전체 유전자 길이: 약 1.6~3.9kbp)
 - 폴링샘플명: NPH1(참조서열: NC_076176)

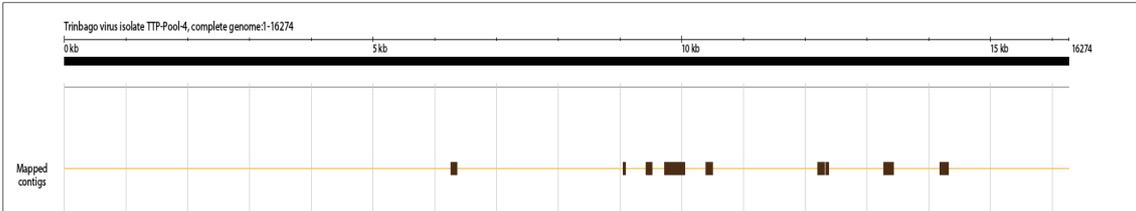


- 풀링샘플명: NVN1(참조서열: NC_076176)



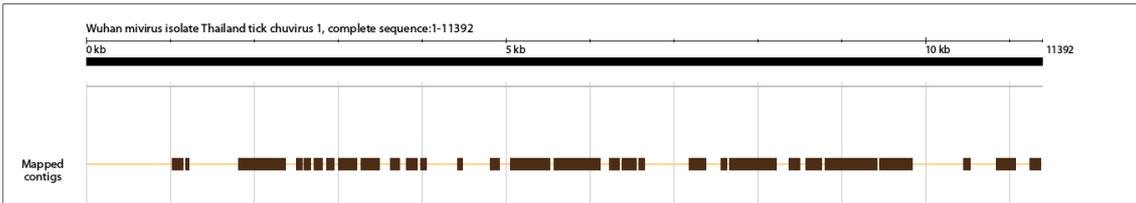
• Trinbago virus(전체 유전자 길이: 약 16.2kbp)

- 풀링샘플명: NPH1(참조서열: MN025505)



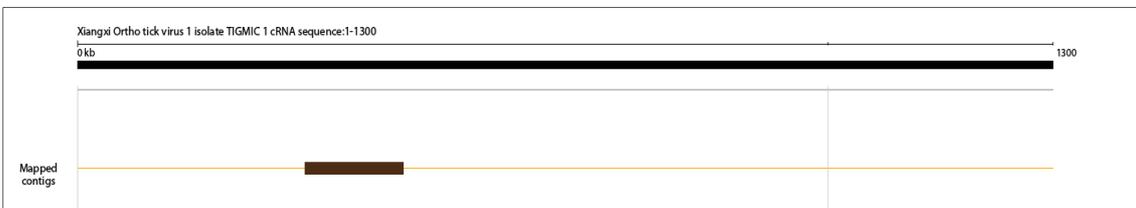
• Wuhan tick virus 1(전체 유전자 길이: 약 11kbp)

- 풀링샘플명: NTH1(참조서열: MN095546)



• Xiangxi Ortho tick virus 1(전체 유전자 길이: 미상)

- 풀링샘플명: NPH1(참조서열: ON746462)



② 세균 분석 결과

국내의 야생 포유류와 야생 조류에서 채집한 참진드기로 구성된 12개의 풀링 샘플을 분석한 결과, 총 4과의 세균을 확인하였다. 과(Family) 수준에서 동정된 서열에 대한 read 수를 기준으로 시각화하였으며, 야생 포유류와 야생 조류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플에서 각각 3과의 세균을 확인하였다(그림 145). *Rickettsiaceae*에 해당하는 유전 서열은 야생 포유류 유래의 풀링 샘플 1개(NGG1)과 야생 조류 유래의 풀링 샘플 2개(NDC2, NHS1)을 제외한 모든 풀링

샘플에서 검출되었다. *Anaplasmataceae*에 해당하는 유전 서열은 야생 포유류 유래의 풀링 샘플에서(NGGB1, NCB1)만, 그리고 *Francisellaceae*에 해당하는 유전 서열은 대청도의 야생 조류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플(NDC1, NDC2)에서만 확인되었다.

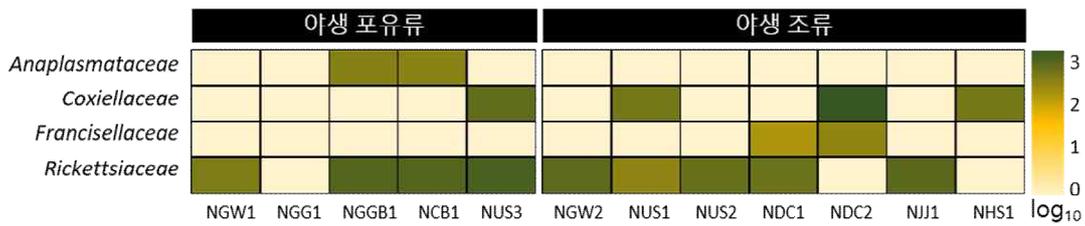


그림 145. 국내에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 NGS를 통해 확인된 세균의 상대적 분포도.

4과의 세균에 해당하는 read 서열을 계통학적 하위 단계인 종(Species) 수준에서 분석한 결과 총 8종의 세균을 확인하였다. 먼저 국내의 야생 포유류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플 중 NGG1을 제외한 4개에서 5종의 세균을 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 73개부터 최대 818개의 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 세균 종에서 지수값으로 표현된 막대 그래프로 시각화하였다(그림 146). 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 4종의 세균 (*Anaplasma phagocytophilum*, *Coxiella burnetii*, *Rickettsia japonica* 및 *Rickettsia tamurae*) 이 검출되었다.

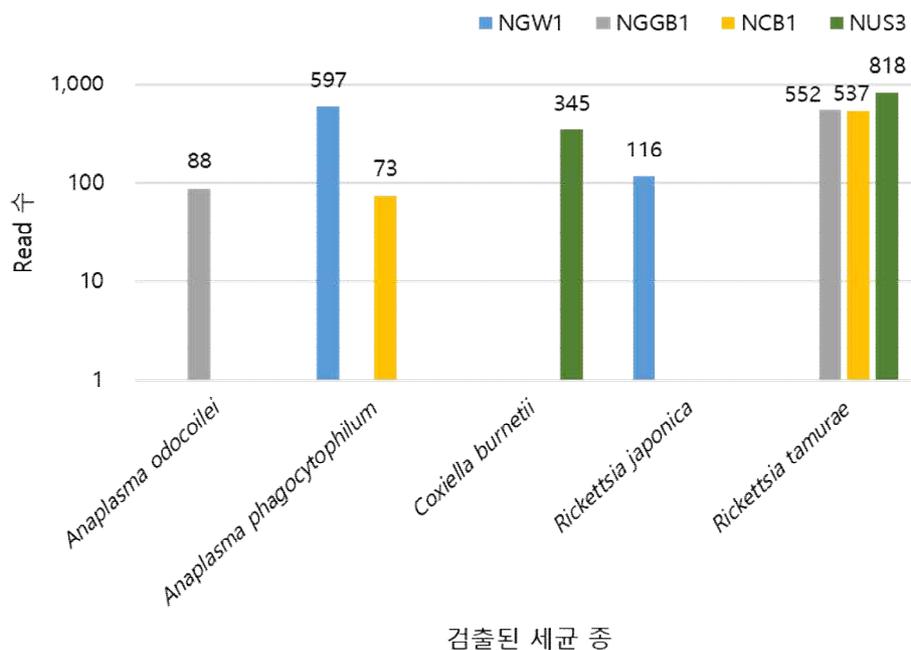


그림 146. 국내의 야생 포유류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 검출된 세균

국내의 야생 조류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플에서는 5종의 세균을 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 21개부터 최대 1,528개의 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 세균 종에서 지수값으로 표현된 막대 그래프로 시각화하였다(그림 147). *Rickettsia japonica*에 해당하는 유전 서열이 4개의 풀링 샘플(NGW2, NUS1, NUS2, NDC1)에서 공통적으로 확인되었

다. 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 2종의 세균(*Coxiella burnetii*, *Rickettsia japonica*) 과 사람에서 질병을 유발할 수 있는 1종의 세균(*Francisella hispaniensis*)이 검출되었다.

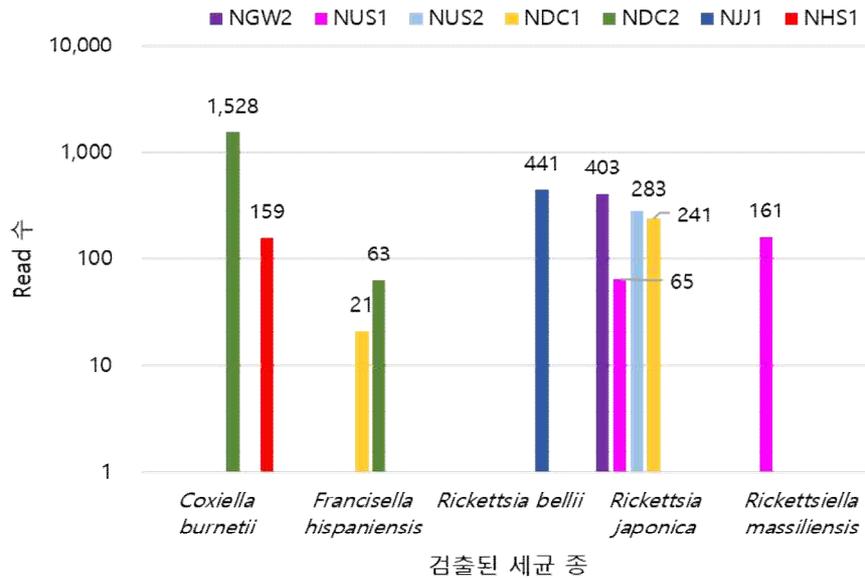


그림 147. 국내의 야생 조류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 검출된 세균

결과적으로 국내의 풀링샘플로부터 확인된 8종의 세균 중 인수공통감염병을 유발하는 4종의 세균, 사람에서 병원성을 나타내는 1종의 세균, 동물에서 병원성을 나타내는 1종의 세균, 그리고 병원성이 밝혀지지 않은 2종의 세균이 검출되었고 목록은 표 64와 같다.

표 64. 국내의 참진드기로부터 NGS 분석 결과 검출된 세균의 목록

구분	세균 종	합계
인수공통감염성 세균	<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	4종
	<i>Rickettsia japonica</i>	
	<i>Rickettsia tamurae</i>	
	<i>Coxiella burnetii</i>	
사람 병원성 세균	<i>Francisella hispaniensis</i>	1종
동물 병원성 세균	<i>Rickettsia bellii</i>	1종
병원성이 밝혀지지 않은 세균	<i>Anaplasma odocoilei</i>	2종
	<i>Rickettsiella massiliensis</i>	
합계		8종

한편 국외의 포유류, 야생 조류 및 파충류에서 채집한 참진드기로 구성된 10개의 풀링 샘플을 분석한 결과, 총 6과의 세균을 확인하였다. 과(Family) 수준에서 동정된 서열에 대한 read 수를 기준으로 시각화하였으며, 포유류 유래의 풀링 샘플에서는 10과, 야생 조류 유래의 풀링 샘플에서는 7과, 그리고 파충류 유래의 풀링 샘플에서는 4과의 세균을 확인하였다(그림 148). 포유류 유래의 풀링 샘플에서는 *Coxiellaceae*에 해당하는 read가 가장 많은 수를 보이는 것으로 확인되었고, 특히 다른 샘플과 비교하여 베트남의 유래의 풀링 샘플(NVN1, NVC1)에서 상대적으로 많은 수의 read가 검출되었다.

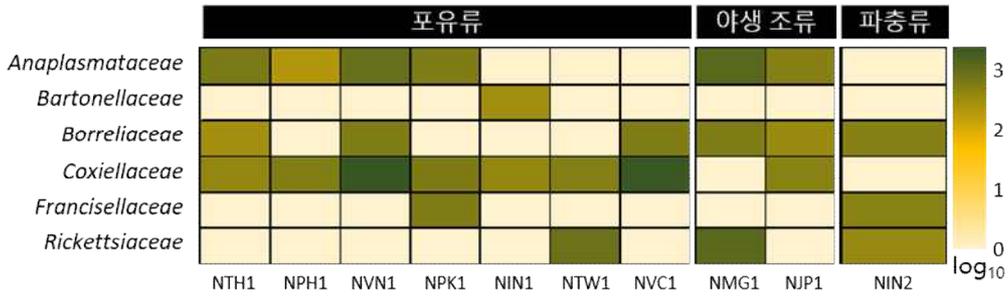


그림 148. 국외에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 NGS를 통해 확인된 세균의 상대적 분포도.

6과의 세균에 해당하는 read 서열을 계통학적 하위 단계인 종(Species) 수준에서 확인한 결과 총 15종의 세균을 확인하였다. 먼저 국외의 포유류로부터 채집한 참진드기 폴링 샘플에서는 10종의 세균을 확인하였으며, 각 폴링 샘플에서 적게는 33개부터 최대 7,643개의 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 세균 중에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 149). *Coxiella burnetii*와 *Coxiella cheraxi*에 해당하는 유전 서열이 각각 4개과 5개의 샘플에서 공통적으로 다수 검출되었다. 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 6종의 세균(*Anaplasma phagocytophilum*, *Bartonella schoenbuchensis*, *Borrelia miyamotoi*, *Coxiella burnetii*, *Ehrlichia ewingii* 및 *Rickettsia slovaca*)과 사람에서 질병을 유발할 수 있는 1종의 세균(*Francisella hispaniensis*)이 검출되었다.

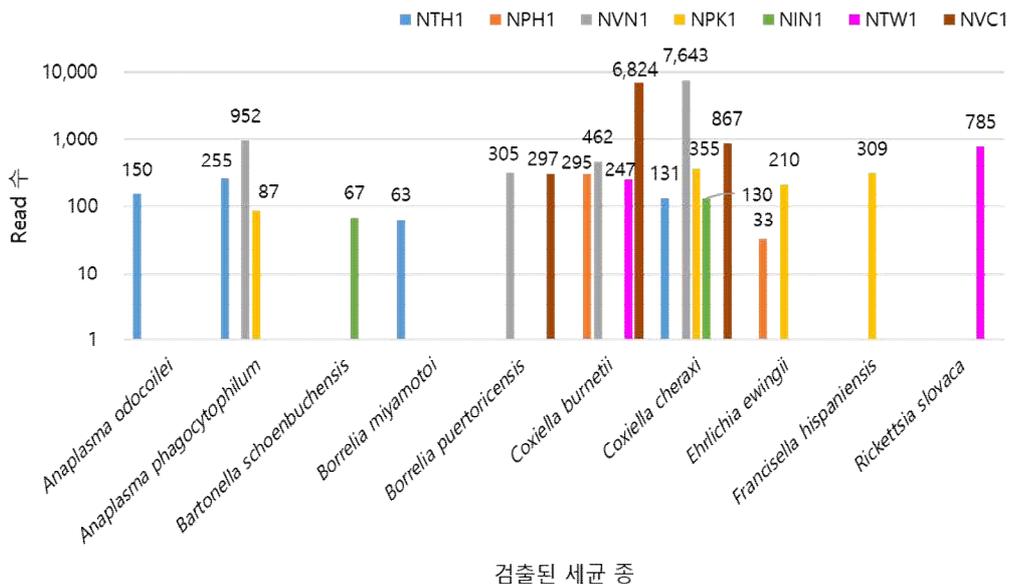
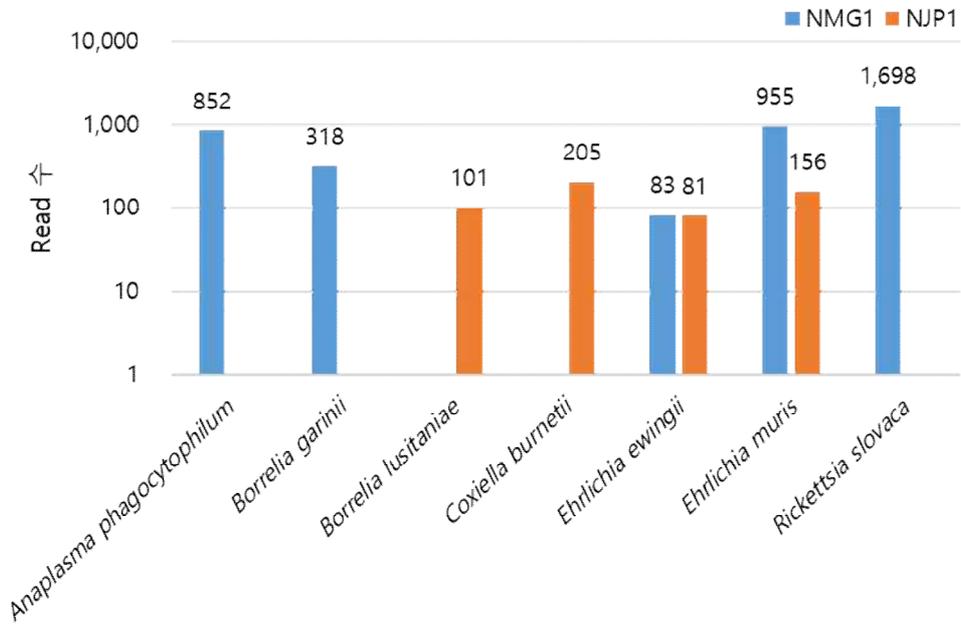


그림 149. 국외의 포유류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 세균.

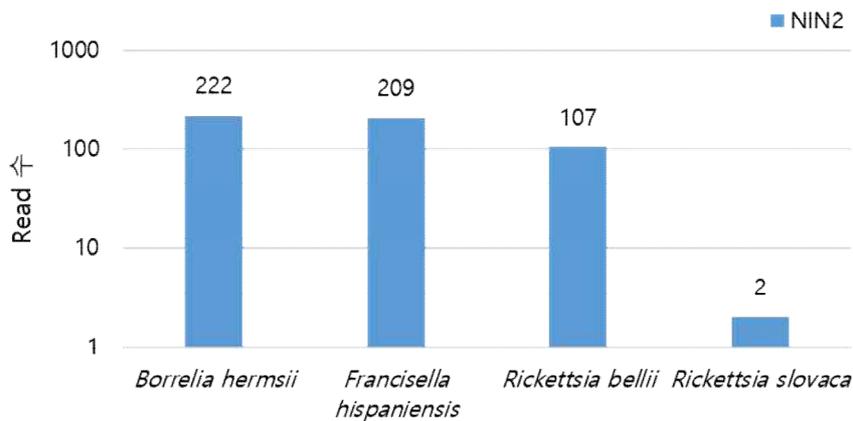
국외의 야생 조류로부터 채집한 참진드기 폴링 샘플에서는 7종의 세균을 확인하였으며, 각 폴링 샘플에서 적게는 81개부터 최대 1,698개의 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 세균 중에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 150). *Ehrlichia ewingii*와 *Ehrlichia muris*는 2개의 샘플 모두에서 공통적으로 확인되었고, 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 6종의 세균(*Anaplasma phagocytophilum*, *Borrelia garinii*, *Borrelia lusitaniae*, *Coxiella burnetii*, *Ehrlichia ewingii* 및 *Rickettsia slovaca*)이 검출되었다.



검출된 세균 종

그림 150. 국외의 야생 조류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 세균.

국외의 파충류로부터 채집한 참진드기 폴링 샘플에서는 4종의 세균을 확인하였으며, 적게는 2개부터 최대 222개의 read가 계수되었고, 참고서열에 해당하는 바이러스 중에서 지수값으로 표현된 막대그래프로 시각화하였다(그림 151). 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 2종의 세균(*Rickettsia hermsii*, *Rickettsia slovaca*)과 사람에서 질병을 유발할 수 있는 1종의 세균(*Francisella hispaniensis*)이 검출되었다.



검출된 세균 종

그림 151. 국외의 파충류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 세균.

결과적으로 국외의 폴링샘플로부터 확인된 15종의 세균 중 인수공통감염병을 유발하는 9종의 세균, 사람에서 병원성을 나타내는 1종의 세균, 동물에서 병원성을 나타내는 2종의 세균, 그리고 병원성이 밝혀지지 않은 3종의 세균이 검출되었고 목록은 표 65와 같다.

표 65. 국외의 참진드기로부터 NGS 분석 결과 검출된 세균의 목록

구분	세균 종	합계
인수공통감염성 세균	<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	9종
	<i>Bartonella schoenbuchensis</i>	
	<i>Borrelia garinii</i>	
	<i>Borrelia hermsii</i>	
	<i>Borrelia lusitaniae</i>	
	<i>Borrelia miyamotoi</i>	
	<i>Coxiella burnetii</i>	
	<i>Ehrlichia ewingii</i>	
	<i>Rickettsia slovaca</i>	
사람 병원성 세균	<i>Francisella hispaniense</i>	1종
동물 병원성 세균	<i>Coxiella cheraxi</i>	2종
	<i>Rickettsia bellii</i>	
병원성이 밝혀지지 않은 세균	<i>Anaplasma odocoilei</i>	3종
	<i>Borrelia puertoricensis</i>	
	<i>Ehrlichia muris</i>	
합계		15종

③ 주혈원충 분석 결과

국내·외의 동물로부터 채집한 참진드기로부터 구성된 22개의 풀링 샘플을 분석한 결과, 국내의 야생 포유류 유래의 풀링 샘플 5개, 국외의 포유류 유래의 풀링 샘플 1개, 국외의 야생 조류 유래의 풀링 샘플 1개, 국외의 파충류 유래의 풀링 샘플 1개에서 총 3과의 주혈원충을 확인하였다. 과(Family) 수준에서 동정된 서열에 대한 read 수를 기준으로 시각화하였다(그림 152). 국내의 야생 포유류 유래의 모든 풀링 샘플에서 *Theileriidae*에 해당하는 유전 서열이 확인되었고, 특히 NGGB1에서 가장 많은 수의 read가 검출되었다. 또한 *Hepatozoidae*에 해당하는 유전서열은 필리핀의 포유류(NPH1) 및 인도네시아의 파충류(NIN2) 유래의 풀링샘플에서, 그리고 *Babesiidae*에 해당하는 유전 서열은 몽골의 야생 조류 유래의 풀링샘플(NMG1)에서만 확인되었다.



그림 152. 국내·외에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 NGS를 통해 확인된 주혈원충의 상대적 분포도.

3과의 주혈원충에 해당하는 read 서열을 계통학적 하위 단계인 종(Species) 수준에서 확인한 결과 총 5종의 주혈원충을 확인하였다. 먼저 국내의 야생 포유류로부터 채집한 참진드기 풀링 샘플 5개에서는 2종의 주혈원충을 확인하였으며, 각 풀링 샘플에서 적게는 21개부터 최대 653개의 read가 계수되어 이를 막대그래프로 시각화하였다(그림 153).

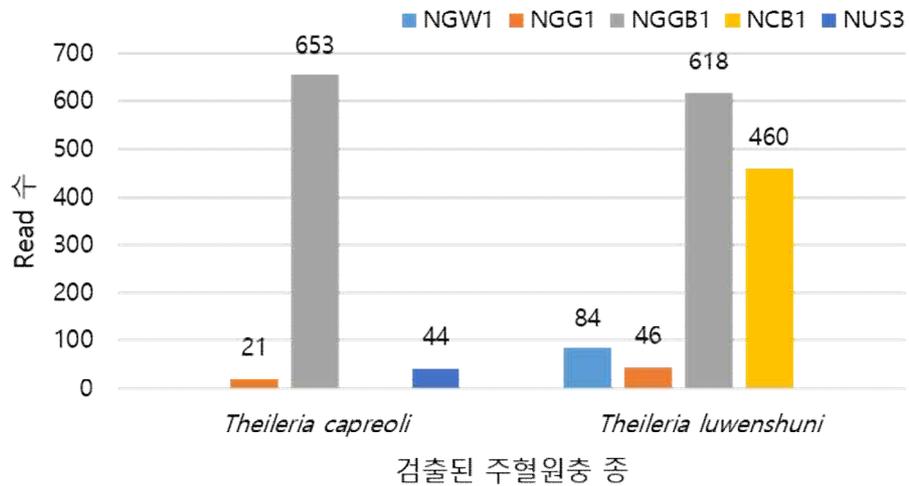


그림 153. 국내의 야생 포유류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 주혈원충.

국외의 포유류, 야생 조류 및 파충류로부터 채집한 참진드기 폴링 샘플 3개에서는 3종의 주혈원충을 확인하였으며, 각 폴링 샘플에서 적게는 7개부터 최대 130개의 read가 계수되어 이를 막대그래프로 시각화하였다(그림 154). 특히 인수공통감염병을 유발할 수 있는 1종의 주혈원충(*Babesia microti*)이 검출되었다.

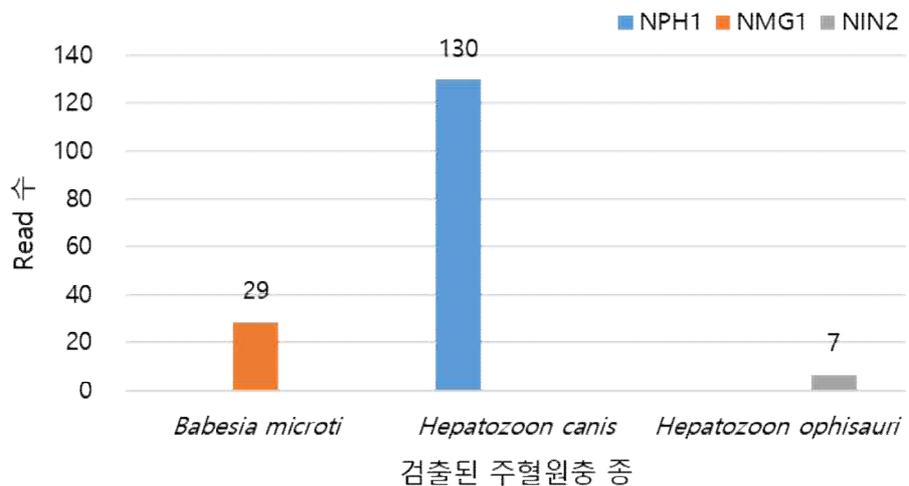


그림 154. 국외의 포유류, 야생 조류 및 파충류에서 채집한 참진드기 폴링 샘플로부터 검출된 주혈원충.

결과적으로 국내·외의 폴링 샘플로부터 확인된 종의 주혈원충 중 인수공통감염병을 유발하는 1종의 주혈원충과 동물에서 병원성을 나타내는 2종의 주혈원충, 그리고 병원성이 밝혀지지 않은 2종의 주혈원충이 검출되었고 그 목록은 표 66과 같다.

표 66. 국내·외의 참진드기로부터 NGS 분석 결과 검출된 주혈원충의 목록

구분	주혈원충 종		합계
	국내	국외	
인수공통감염성 주혈원충	-	<i>Babesia microti</i>	1종
사람 병원성 주혈원충	-	-	-
동물 병원성 주혈원충	<i>Theileria luwenshuni</i>	<i>Hepatozoon canis</i>	2종
병원성이 밝혀지지 않은 주혈원충	<i>Theileria capreoli</i>	<i>Hepatozoon ophisauri</i>	2종
합계	2종	3종	5종

-, 병원체가 검출되지 않음.

(2) 유전자 분석을 이용한 병원체 분석

○ 참진드기 분석 결과

유전자 분석 방법인 PCR 증폭 및 염기서열분석에 사용할 참진드기를 지역별 최소 50마리가 포함되도록 선별하였다. 50마리 이하의 참진드기가 수집된 지역에 대해서는 수집된 모든 참진드기에 대해 PCR 검사를 진행하였다. 성충 암컷, 성충 수컷, 약충 참진드기가 적절한 비율로 포함될 수 있도록 참진드기를 우선순위에 따라 선별하였다. 참진드기 선별시 우선순위는 흡혈한 암컷 성충, 비흡혈 암컷 성충, 흡혈 수컷 성충, 비흡혈 수컷 성충, 흡혈 약충, 비흡혈 약충으로 하였다(표 67-69).

표 67. PCR 검사에 사용된 총 참진드기 수

구분	국내	국외	합 계
유전자 추출에 사용한 참진드기 수	458	821	1,279
- RNA 추출에 사용한 참진드기 수	458	821	1,279
- DNA 추출에 사용한 참진드기 수	274	602	876

표 68. PCR 검사에 사용된 국내 채집 참진드기 수

구분	강원	경기	경기북부	충북	울산	대청도	제주도	흑산도	화성	합계
RNA ¹⁾	100	70	45	70	102	47	7	15	2	458
DNA ²⁾	56	50	25	50	54	22	- ³⁾	15	2	274

1) RNA 추출에 사용한 참진드기수

2) DNA 추출에 사용한 참진드기수

3) 미채집

표 69. PCR 검사에 사용된 국외 채집 참진드기 수

구분	태국	필리핀	베트남		일본	몽골	인도네시아	파키스탄	대만	홍콩	합계
			하노이	호치민							
RNA ¹⁾	75	255	80	69	36	48	94	91	72	1	821
DNA ²⁾	55	113	49	69	36	22	94	91	72	1	602

1) RNA 추출에 사용한 참진드기수

2) DNA 추출에 사용한 참진드기수

선별한 참진드기에 대해 진행한 RT-PCR 및 Nested-PCR 결과는 다음과 같다(표 70). 국내·외를 종합하여 총 14,345건의 PCR 검사가 진행되었다. RNA 바이러스 5종에 대해 총 6,461건의 PCR 검사를 진행하였다. 1,279개 시료 중 2개의 SFTS 바이러스 양성을 확인하였고, 1,288개 시료 중 1개 Langya 바이러스 양성이 검출되었다. RNA 바이러스에 대한 PCR 검사 결과 양성 3건(SFTSV 2건, LangyaV 1건)은 국내에서 채집된 참진드기에서 검출되었으며 양성 10건(CCHFV 10건)은 국외에서 채집된 참진드기에서 검출되었다. DNA 병원체에 대한 PCR 검사는 9가지 병원체에 대해 국내·외를 합하여 총 7,884건의 검사를 진행하였다. 9가

지 병원체에 대해 각 876건의 PCR 검사를 진행하였으며, 64개의 *Anaplasma(A.) phagocytophilum* 양성(64/876, 7.3%), 16개의 *A. bovis* 양성(16/876, 1.8%), 13개의 *Ehrlichia(E.) chaffeensis* 양성(10/876, 1.1%), 8개의 *E. canis* 양성(9/876, 0.9%), 33개의 *Borrelia* spp. 양성(33/876, 3.8%), 93개의 *Rickettsia* spp. 양성(93/876, 10.6%), 34개의 *Bartonella* spp. 양성(34/876, 3.9%)이 검출되었다. *Babesia gibsoni*와 *Theileria* spp.에서는 양성이 검출되지 않았다. 참진드기에서 PCR을 통해 검출한 RNA 바이러스 및 DNA 병원체의 양성률을 지역별로 분류했을 때, 14종 병원체의 양성률을 모두 합한 누적 양성률이 가장 높은 참진드기 채집지역은 울산(76.0%)으로 나타났으며, 그 중 *A. phagocytophilum*의 양성률이 22.2%, *Rickettsia* spp.의 양성률이 33.3%이 큰 비중을 차지하였다(그림 155).

표 70. 국내·외 참진드기에 대한 병원체 분석을 위한 PCR 결과

구분	병원체	국내			국외			합 계		
		검사수	양성수	양성률(%)	검사수	양성수	양성률(%)	검사수	양성수	양성률(%)
RNA virus 분석	SFTSV	458	2	0.4	821	0	0.0	1,279	2	0.2
	CCHFV	458	0	0.0	878	10	1.1	1,336	10	0.7
	TBEV	458	0	0.0	821	0	0.0	1,279	0	0.0
	YezoV	458	0	0.0	821	0	0.0	1,279	0	0.0
	LangyaV	467	1	0.2	821	0	0.0	1,288	1	0.1
DNA 병원체 분석	<i>A. phagocytophilum</i>	274	46	16.8	602	18	3.0	876	64	7.3
	<i>A. bovis</i>	274	14	5.1	602	2	0.3	876	16	1.8
	<i>E. chaffeensis</i>	274	2	0.7	602	8	1.3	876	10	1.1
	<i>E. canis</i>	274	1	0.4	602	7	1.2	876	8	0.9
	<i>B. gibsoni</i>	274	0	0.0	602	0	0.0	876	0	0.0
	<i>Borrelia</i> spp.	274	8	2.9	602	25	4.2	876	33	3.8
	<i>Rickettsia</i> spp.	274	52	19.0	602	41	6.8	876	93	10.6
	<i>Bartonella</i> spp.	274	18	6.6	602	16	2.7	876	34	3.9
	<i>Theileria</i> spp.	274	0	0.0	602	0	0.0	876	0	0.0

참진드기에서 PCR을 통해 검출한 RNA 바이러스 및 DNA 병원체의 지역별 양성률

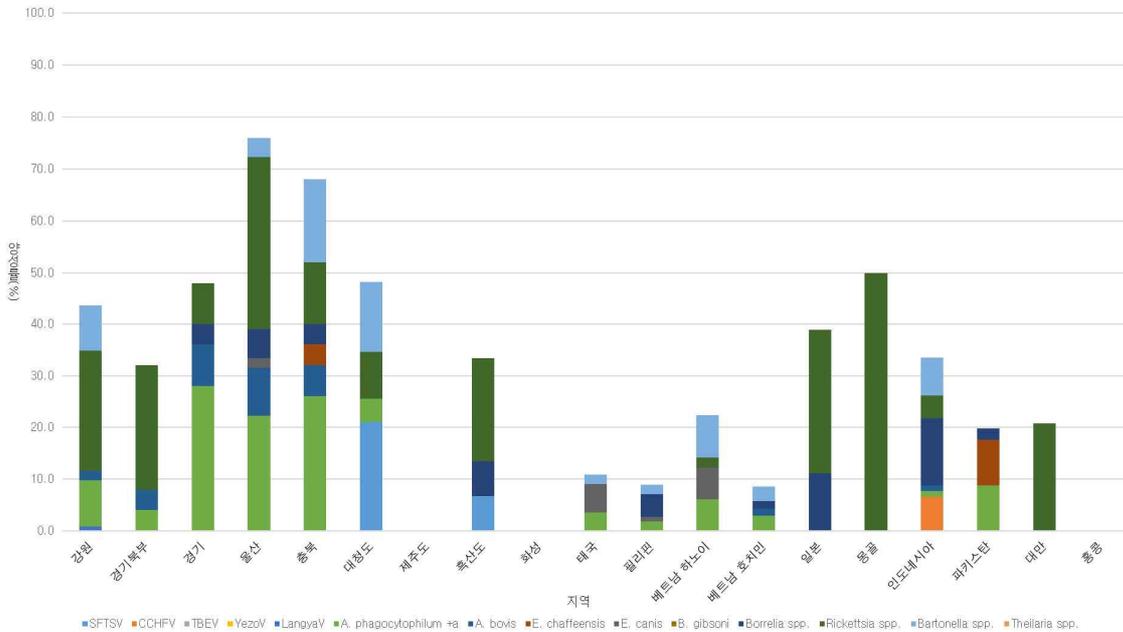


그림 155. 참진드기에서 PCR을 통해 검출한 RNA 바이러스 및 DNA 병원체의 지역별 양성률.

○ 국내 채집 참진드기로부터 RNA 바이러스 분석 결과

국내 참진드기로부터 RNA 바이러스 검출을 위한 PCR 분석 결과이다. 국내 야생동물센터로부터 공유받은 참진드기와 섬에서 직접 채집한 참진드기에 대한 RNA PCR 결과는 표 71과 같다. 총 458마리 참진드기로부터 PCR 분석 2,299건의 RNA 바이러스 병원체에 대해 검사를 진행하였으며, SFTS 바이러스와 Langya 바이러스 검사에서 양성이 검출되었다. 국내지역에서 채집된 참진드기에 대한 PCR 검사 결과, SFTS 바이러스의 양성률은 0.4%(2/458)였으며, 양성으로 확인된 2개의 참진드기는 모두 철새에서 직접 채집하였다. Langya 바이러스의 양성률은 0.2%(1/467)로 나타났으며, 양성이 처음 검출된 참진드기의 동일 숙주(고라니)에서 참진드기 9건에 대해 추가 RNA 추출 및 Langya 바이러스 타겟 PCR을 진행하였다. 최종적으로 Langya 바이러스 양성은 국내 강원지역 야생동물 구조센터로부터 공유받은 1마리 참진드기에서 검출되었으며 해당 참진드기는 고라니에게서 채집된 성충 암컷 *Haemaphysalis longicornis* 로 동정되었다. CCHF 바이러스, TBE 바이러스, Yezo 바이러스에서는 양성이 검출되지 않았다.

○ 국외 채집 참진드기로부터 RNA 바이러스 분석 결과

국외 참진드기로부터 RNA 바이러스 검출을 위한 PCR 분석 결과이다. 국외지역에서 채집한 참진드기에 대한 RNA PCR 결과는 표 72와 같다. 총 821마리 참진드기로부터 PCR 분석 4,162건의 RNA 바이러스 병원체에 대해 검사를 진행하였으며, CCHF 바이러스 검사에서 양성이 검출되었다. 국외 지역에서 채집된 참진드기에 대한 PCR 검사 결과, CCHF 바이러스의 양성률은 1.1%(10/912)였으며, 양성이 처음 검출된 참진드기의 동일 숙주(소)에서 채집된 참진드기 57건에 대해 추가 RNA 추출 및 CCHF 바이러스 타겟 PCR을 진행하였다. 최종적으로 CCHF 바이러스 양성은 인도네시아 지역의 1개 목장에서 사육하던 소에서 채집한 10마리 참진드기에서 검출되었다. SFTS 바이러스, TBE 바이러스, Yezo 바이러스, Langya 바이러스에서는 양성이 검출되지 않았다.

표 71. 국내에서 수집된 참진드기를 이용한 RNA 바이러스 검출을 위한 지역별 PCR 결과

수집 지역	5개 야생동물 센터로부터 수집된 참진드기															국내 섬에서 직접 채집한 참진드기											
	강원			경기북부			경기			울산			충북			대청도			제주			흑산도			화성		
병원체	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
SFTSV	100	0	0.0	45	0	0.0	70	0	0.0	102	0	0.0	70	0	0.0	47	1	2.1	7	0	0.0	15	1	6.7	2	0	0.0
CCHFV	100	0	0.0	45	0	0.0	70	0	0.0	102	0	0.0	70	0	0.0	47	0	0.0	7	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0
RNA TBEV	100	0	0.0	45	0	0.0	70	0	0.0	102	0	0.0	70	0	0.0	47	0	0.0	7	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0
YezoV	100	0	0.0	45	0	0.0	70	0	0.0	102	0	0.0	70	0	0.0	47	0	0.0	7	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0
LangyaV	109*	1	0.9	45	0	0.0	70	0	0.0	102	0	0.0	70	0	0.0	47	0	0.0	7	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0

*강원야생동물구조센터로부터 공유받은 참진드기에서 Langya 바이러스 양성이 검출되어 9마리 참진드기에 대해 추가 PCR을 진행.

표 72. 국외에서 수집된 참진드기를 이용한 RNA 바이러스 검출을 위한 지역별 PCR 결과

수집지역	태국	필리핀	베트남				일본	몽골	인도네시아	파키스탄	대만	홍콩																		
			하노이		호치민																									
병원체	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)						
SFTSV	75	0	0.0	255	0	0.0	80	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	48	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
CCHFV	75	0	0.0	255	0	0.0	80	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	48	0	0.0	151*	10	6.6	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
RNA TBEV	75	0	0.0	255	0	0.0	80	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	48	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
YezoV	75	0	0.0	255	0	0.0	80	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	48	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
LangyaV	75	0	0.0	255	0	0.0	80	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	48	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0

*인도네시아 채집 참진드기에서 CCHFV 바이러스 양성이 검출되어 57마리 참진드기에 대해 추가 PCR을 진행.

○ RNA 바이러스 양성 검출 참진드기 분석

① 국내 RNA 바이러스 양성이 검출된 참진드기 시료 정보 및 병원체 유전자 분석 결과

가) SFTS 바이러스

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 SFTS 바이러스 검사를 진행한 결과이다(표 73). 국내 458마리 중 PCR을 통해 2마리 참진드기에서 SFTS 바이러스 양성이 검출되었다. 1건(DC5T)은 2022년 4월 28일 대청도 초지에 머물던 축새에서 채집되었으며, 흡혈한 약충 *Haemaphysalis concinna* 종으로 동정되었다. 1건(HS2T1)은 2023년 3월 22일 흑산도 습지에 머물던 hing동새에서 채집되었으며 흡혈한 약충 *Ixodes turdus* 종으로 동정되었다(표 74).

표 73. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 SFTS 바이러스 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
SFTS virus (SFTSV)	2 / 458 (0.4 %)

표 74. SFTSV 양성이 검출된 국내에서 채집된 참진드기 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
DC5T	2022.04.28.	축새	<i>Haemaphysalis concinna</i>	약충	-	○	대청도	초지
HS2T1	2023.03.22.	hing동새	<i>Ixodes turdus</i>	약충	-	○	흑산도	습지

-, 미해당.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 SFTS 바이러스 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

• DC5T(461bp)

```
>CATCATTGTCTTTGCCCTGACTCGAGGCAACAAGATCGTCAAGGCATCGGGGAAAATGTCAA
ACTCTGGGTCTAAGAGGTTGATGGCACTCCAAGAGAAATATGGGCTGGTTGAGAGGGCAGAA
ACCAGGCTCTCAATCACTCCTGTGAGGGTTGCACAGAGCCTTCCCACTTGGACATGTGCTGCA
GCAGCAGCCCTGAAGGAGTATCTCCCAGTGGGGCCAGCTGTTATGAACCTGAAGGTCGAGAA
TTATCCCCCTGAGATGATGTGCATGGCCTTTGGGTCCCTGATTCCAAGTGCAGGGGTATCTGA
AGCTACAACGAAGACCCTGATGGAGGCCTACTCTCTGTGGCAAGATGCCTTCACCAAGACTAT
CAATGTGAAGATGCGCGGAGCTAGCAAGACAGAGGTTTACAAGTCTTTTCAGAGATCCTCTCCA
TGCTGCTGTGAACTCTGTCTTCT
```

• HS2T1(346bp)

```
>ACAAGATCGTCAAGGCATCAGGGAAAATGTCAAAGTCTGGGTCTAAGAGGTTGATGGCACT
CCAAGAGAAATATGGGCTGGTTGAGAGGGCAGAAACCAGGCTCTCAATCACTCCTGTGAGGG
```

TTGCACAGAGCCTTCCCCTTGGACATGTGCTGCAGCAGCAGCCCTGAAGGAGTATCTCCCA
 GTGGGGCCAGCTGTTATGAACCTGAAGGTCGAGAATTATCCCCCTGAGATGATGTGCATGGC
 CTTTGGGTCCCTGATTCCAACCTGCAGGGGTATCTGAAGCTACAACGAAGACCCTGATGGAGG
 CCTACTCTCTGTGGCAAGATGCCTTCACCAAGACTA

나) Langya 바이러스

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 Langya 바이러스 검사를 진행한 결과이다(표 75). 국내 467마리 참진드기에 대해 1마리의 참진드기에서 Langya 바이러스 양성 검출되었다. 양성 검출 시료(GW8T9)는 2022년 06월 18일 강원도의 산에서 서식하던 고라니에서 채집되었으며, 흡혈한 성충 암컷 *Haemaphysalis longicornis* 종으로 동정되었다(표 76).

표 75. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 Langya 바이러스 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
Langya virus (LV)	1 / 467 (0.2 %)

표 76. LangyaV 양성이 검출된 국내에서 채집된 참진드기 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성 별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성	유전자 서열 크기 (bp)
GW8T9	2022.06.18	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	0	강원 영월군 영월읍 단종로190	산	511

♀, 암컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 511 bp에서 Langya 바이러스 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

• GW8T9(511bp)

```
>CGGCCTCATCAGTTCCAAAGAATGAAGGATTCAATGAGGACAATTGGAAAATTGACAAGAAA  

  CCGTTTCGTAGGATTGAGGGTAGAGATTGTCTGAGTAAAGAAAATAAAACATTACTTAATTCAA  

  AAGTGATTACTAATACAATAGGACAAAACCATTTCAATACTTCCTTGCAAAAACAAACAACCCAG  

  AACACCTAAGAGCAGGTCAGCCAGAAACAAAATAAGTACAGTCTTCAGAATGCAATTTCCGA  

  TTATATAACCCGTGATTATACATTACAAGATCACACCAATACAGCTGTGACAAATCAGAGGAA  

  AAGTATGACACAATAAGCTCATTTTTAACCACAGATTTGCAAAAGTTTTGTTTGAATTGGAGATA  

  CGAATCTACAGCATTATTCGCAGAGAGGGTAGATGAAATTTATGGTCTTCCAGGATTCTTTAAT  

  TGGTTGCATAATAGATTAGAGAATTGCACATTATATGTTGCTGATCCTTACTGTCCACCGCCTTT
```

② 국외 RNA 바이러스 양성이 검출된 참진드기 시료 정보 및 병원체 유전자 분석 결과

가) CCHF 바이러스

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 CCHF 바이러스 검사를 진행한 결과이다(표 77). 국외 878마리 참진드기에 대해 10마리의 참진드기에서 CCHF 바이러스 양성이 검출되었다. CCHF 바이러스 양성이 검출된 참진드기 10마리는 모두 동일 지역, 동일 숙주 동물에서 채집되었으며, 2023년 02월 21일 인도네시아의 목장에서 사육하던 소(5년령, 암컷)에서 채집되었다. 채집된 참진드기는 흡혈한 성충 암컷 5마리, 비흡혈한 성충 암컷 3마리, 비흡혈한 성충 수컷 2마리로 확인되었으며, *Haemaphysalis bispinosa* 종으로 동정되었다(표 78).

표 77. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 CCHF 바이러스 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률 %)
CCHF virus (CCHFV)	10 / 878 (1.1 %)

표 78. CCHFV 양성이 검출된 국외에서 채집된 참진드기 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성	유전자 서열 크기 (bp)
IN11T1	2023.02.21	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	X	Harjobinangun, Sleman	목장	260
IN11T2					♀	O			
IN11T7					♀	X			
IN11T8					♀	X			
IN11T15					♂	X			
IN11T16					♂	X			
IN12T1					♀	O			
IN12T3					♀	O			
IN12T4					♀	O			
IN12T7					♀	O			

♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 260 bp에서 CCHF 바이러스 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 증폭한 병원체의 유전자 서열분석 결과, 1개의 CCHF 바이러스 유전자(IN11T2)를 제외한 나머지 양성(9개) 바이러스의 유전자 서열이 모두 동일한 서열임이 확인되었다. 따라서, IN11T2의 유전자 서열 및 동일한 양성 9개에 대해서는 1개의 대표서열(IN11T1)만 제시하였다.

• IN11T2(260bp)

>GAATGTGCATGGGTTAGCTCTACTGGCATTGTGAAGAAGGGGCTTGAGTGGTTCGAGAAGAA

TTCAGGAACCATCAAATCTTGGGATGAGAAGTATGCTGAGCTGAAGGTTGATGTTCCCAAATA
GAACAACCTTGCCAATTACCAACAGGCTGCTCTCAAGTGGAGGAAGGACATAGGTTTCCGTGTC
AACGCAAACACGGCAGCCTTAAGCAACAAAGTCCTTGCAGAATACAAAGTCCCTGGTGAAATT
GTGATGTC

• IN11T1(260bp)

>GAATGTGCATGGGTTAGCTCTACTGGCATTGTGAAGAAGGGGCTTGAAGTGGTTTCGAGAAGAA
TTCAGGAACCATCAAATCTTGGGATGAGAAGTATGCTGAGCTGAAGGTTGATGTTCCCAAATA
GAACAACCTTGCCAATTACCAACAGGCTGCTCTCAAGTGGAGGAAGGACATAGGTTTCCGTGTC
AACGCAAACACGGCAGCCTTAAGCAACAAAGTCCTTGCAGAATACAAAGTCCCTGGTGAAATT
GTGATGTC

③ RNA 바이러스 양성 검출 시료 유전자의 계통발생학적 분석을 통한 유전자형 파악

병원체 유전자의 계통발생학적 분석을 통해 RNA 바이러스 양성이 검출된 참진드기의 유전자 형이 어느 군집에 속하는지 조사하였다.

SFTSV 양성이 검출된 2개의 참진드기의 유전자 서열과 NCBI 데이터베이스에 등록된 SFTSV S segment(346 bp)들을 모아 분석한 결과 DC5T, HS2T1 모두 sub-genotype B-2에 속하는 것을 확인하였다(그림 156). SFTSV의 sub-genotype B-2는 한국, 중국, 대만, 일본에서 발견되고 있으며, 사람, 포유류(개, 고양이), 조류(닭), 참진드기에서 확인되었다. 특히, SFTSV 양성이 검출된 참진드기 중 1개(DC5T)는 한국의 사람 혈청에서 검출된 SFTSV 서열(MG737242, MG737233) 및 한국의 개에게서 검출된 SFTSV 서열(OK423754)과 100% 일치하는 것으로 나타났으며, 1개(HS2T1)는 한국의 닭에게서 검출된 SFTSV 서열(MZ593714)과 99.71% 일치하는 것으로 나타났다.

Langya 바이러스(LV) 양성이 검출된 1개의 참진드기의 강원도 지역에서 고라니로부터 흡혈한 참진드기에서 검출이 되었으며, 유전자 염기서열과 NCBI 데이터베이스에 등록된 LV L segment(511 bp)들을 모아 분석한 결과, 중국의 야생 설치류(*Crocidura shantungensis*, *Myodes rutilus*, *Crocidura lasiura*) 및 사람으로부터 검출된 LV 바이러스와 유사한 것으로 나타났다. 특히 사람 혈청에서 분리된 LV의 유전자 염기서열(OM069568) 및 중국의 쥐에서 분리된 LV 유전자 염기서열(OM069592)과 99.80% 일치하는 것을 확인하였다(그림 157).

CCHFV 양성이 검출된 10개의 참진드기 유전자 서열과 NCBI 데이터베이스에 등록된 CCHFV L segment(260bp)들을 모아 분석한 결과, 터키의 사람 혈청에서 검출된 CCHF 바이러스의 유전자 서열(FJ601866, OQ454744, OQ954470, KF705534, MF51216, HQ833035)과 100% 일치하였으며, 이란의 사람혈청에서 분리된 CCHF 바이러스의 유전자 서열(kj027522), 코소보의 사람혈청에서 분리된 CCHF 바이러스의 유전자 서열(KC477785)과도 100% 일치하였다. 유전자형은 Genotype 5(europe1)로 확인되었다(그림 158).

가) SFTSV

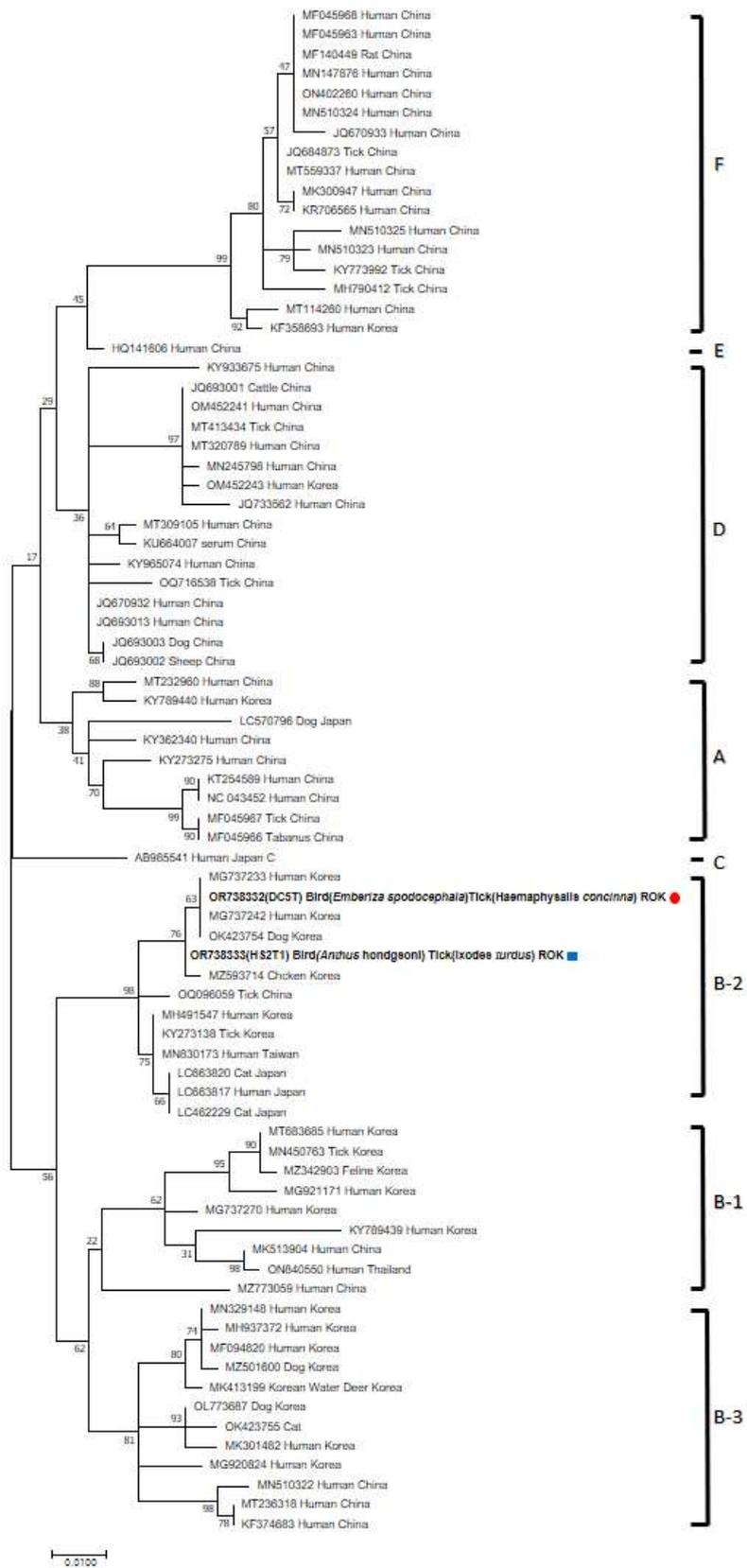


그림 156. 대청도에 머물던 족새와 흑산도에 머물던 횡동새에서 채집한 참진드기에서 SFTSV가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. ROK, Republic of Korea; ●, 대청도에서 채집된 참진드기; ■, 흑산도에서 채집된 참진드기.

나) LV



그림 157. 강원야생동물센터에서 구조된 고라니에서 채집한 참진드기에서 LV가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. KWD, Korean water deer; ROK, Republic of Korea; ●, 강원도에서 채집된 참진드기.

다) CCHFV

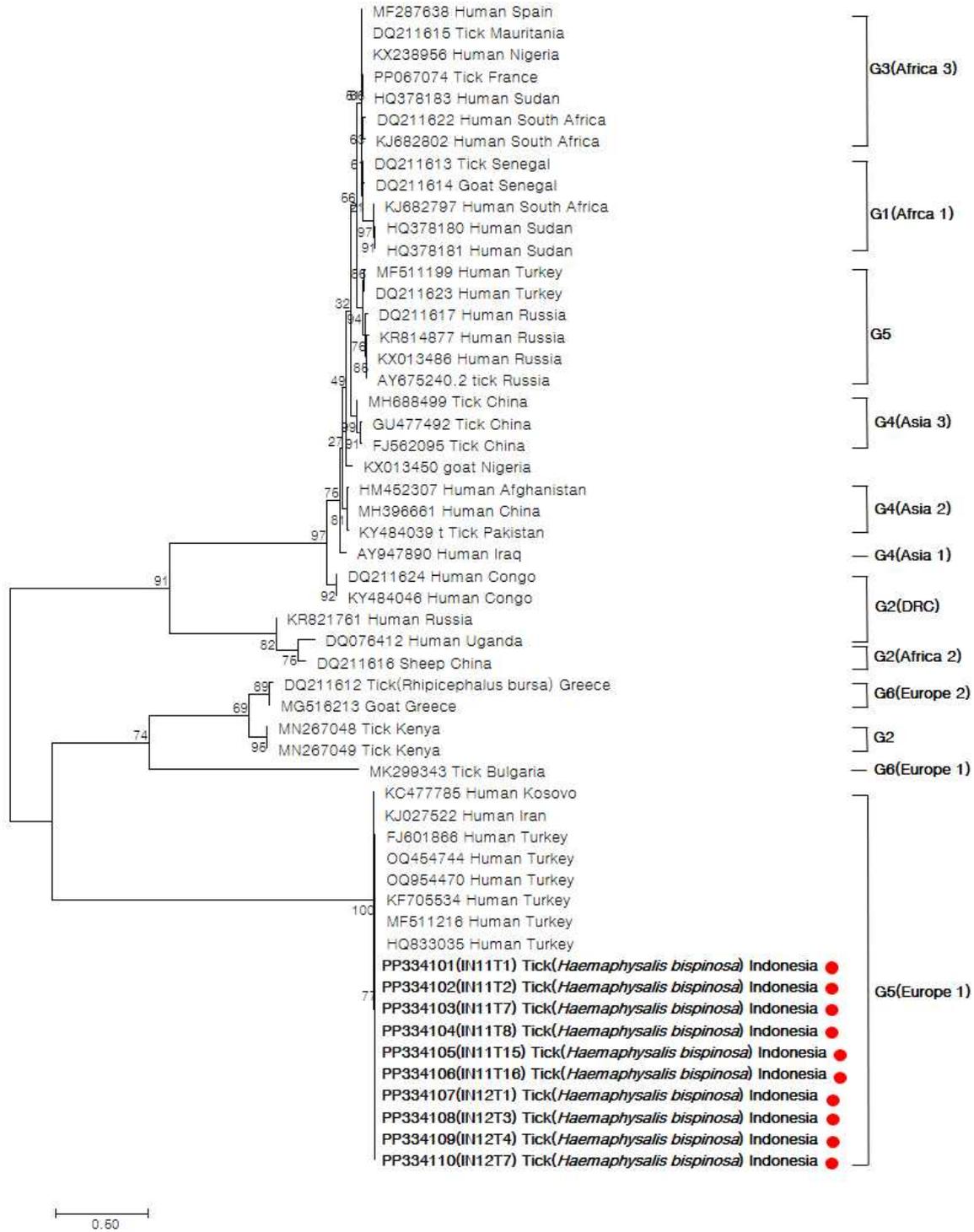


그림 158. 인도네시아 목장에서 사육중인 소에서 채집한 참진드기에서 CCHFV가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. DRC, Democratic Republic of the Congo(콩고민주공화국); ●, 인도네시아에서 채집된 참진드기.

○ 국내에서 채집한 참진드기로부터 DNA 병원체 검출

국내에서 채집된 참진드기로부터 DNA 병원체를 검출하기 위한 PCR 분석 결과이다. 국내지역에서 협조된 야생동물센터로부터 공유받은 참진드기와 섬에서 직접 채집한 참진드기에 대한 DNA PCR 결과는 표 79와 같다. 국내에서 수집된 참진드기 274마리를 이용하여 9가지 DNA 병원체에 대해 각 274건씩, 총 2,499건의 DNA PCR 검사를 진행하였다. 46개의 *Anaplasma (A.) phagocytophilum* 양성(46/274, 16.8%), 14개의 *A. bovis* 양성(14/274, 5.1%), 5개의 *Ehrlichia (E.) chaffeensis* 양성(2/274, 0.7%), 1개의 *E. canis* 양성(1/274, 0.4%), 8개의 *Borrelia* spp. 양성(8/274, 2.9%), 52개의 *Rickettsia* spp. 양성(52/274, 19.0%), 18개의 *Bartonella* spp. 양성(18/274, 6.6%)이 검출되었다. *Babesia gibsoni* 와 *Theileria* spp. 에서는 양성이 검출되지 않았다.

○ 국외에서 채집한 참진드기로부터 DNA 병원체 검출

국외에서 채집된 참진드기로부터 DNA 병원체를 검출하기 위한 PCR 분석 결과이다. 국외에서 채집한 참진드기 602마리에 대한 DNA PCR 결과는 표 80과 같다. 국외에서 수집된 참진드기를 이용하여 9가지 DNA 병원체에 대해 각 602건씩, 총 5,418건의 DNA PCR 검사를 진행하였다. 19개의 *Anaplasma (A.) phagocytophilum* 양성(18/602, 3.0%), 2개의 *A. bovis* 양성(2/602, 0.3%), 8개의 *Ehrlichia (E.) chaffeensis* 양성(8/602, 1.3%), 7개의 *E. canis* 양성(7/602, 1.2%), 25개의 *Borrelia* spp. 양성(25/602, 4.2%), 41개의 *Rickettsia* spp. 양성(41/602, 6.8%), 16개의 *Bartonella* spp. 양성(16/602, 2.7%)이 검출되었다. *Babesia gibsoni* 와 *Theileria* spp. 에서는 양성이 검출되지 않았다.

표 79. 국내에서 수집된 참진드기를 이용한 DNA 병원체 검출을 위한 지역별 PCR 결과

수집 지역	5개 야생동물 센터로부터 수집된 참진드기												국내 섬에서 직접 채집한 참진드기																	
	강원			경기북부			경기			울산			충북			대청도			제주			흑산도			화성					
병원체	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
<i>A. phagocytophilum</i>	56	5	8.9	25	1	4.0	50	14	28.0	54	12	22.2	50	13	26.0	22	1	4.5	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>A. bovis</i>	56	1	1.8	25	1	4.0	50	4	8.0	54	5	9.3	50	3	6.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>E. chaffeensis</i>	56	0	0.0	25	0	0.0	50	0	0.0	54	0	0.0	50	2	4.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>E. canis</i>	56	0	0.0	25	0	0.0	50	0	0.0	54	1	1.9	50	0	0.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>B. gibsoni</i>	56	0	0.0	25	0	0.0	50	0	0.0	54	0	0.0	50	0	0.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>Borrelia</i> spp.	56	0	0.0	25	0	0.0	50	2	4.0	54	3	5.6	50	2	4.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	1	6.7	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>Rickettsia</i> spp.	56	13	23.2	25	6	24.0	50	4	8.0	54	18	33.3	50	6	12.0	22	2	9.1	0	0	0.0	15	3	20.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>Bartonella</i> spp.	56	5	8.9	25	0	0.0	50	0	0.0	54	2	3.7	50	8	16.0	22	3	13.6	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0
<i>Theileria</i> spp.	56	0	0.0	25	0	0.0	50	0	0.0	54	0	0.0	50	0	0.0	22	0	0.0	0	0	0.0	15	0	0.0	2	0	0.0	2	0	0.0

표 80. 국외에서 수집된 참진드기를 이용한 DNA 병원체 검출을 위한 지역별 PCR 결과

수집지역	태국	필리핀	베트남				일본	몽골	인도네시아	파키스탄	대만	홍콩																		
			하노이		호치민																									
병원체	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)			
<i>A. phagocytophilum</i>	55	2	3.6	113	2	1.8	49	3	6.1	69	2	2.9	36	0	0.0	22	0	0.0	94	1	1.1	91	8	8.8	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>A. bovis</i>	55	0	0.0	113	0	0.0	49	0	0.0	69	1	1.4	36	0	0.0	22	0	0.0	94	1	1.1	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>E. chaffeensis</i>	55	0	0.0	113	0	0.0	49	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	22	0	0.0	94	0	0.0	91	8	8.8	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>E. canis</i>	55	3	5.5	113	1	0.9	49	3	6.1	69	0	0.0	36	0	0.0	22	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>B. gibsoni</i>	55	0	0.0	113	0	0.0	49	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	22	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>Borrelia</i> spp.	55	0	0.0	113	5	4.4	49	0	0.0	69	1	1.4	36	4	11.1	22	0	0.0	94	13	13.8	91	2	2.2	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>Rickettsia</i> spp.	55	0	0.0	113	0	0.0	49	1	2.0	69	0	0.0	36	10	27.8	22	11	50.0	94	4	4.3	91	0	0.0	72	15	20.8	1	0	0.0
<i>Bartonella</i> spp.	55	1	1.8	113	2	1.8	49	4	8.2	69	2	2.9	36	0	0.0	22	0	0.0	94	7	7.4	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0
<i>Theileria</i> spp.	55	0	0.0	113	0	0.0	49	0	0.0	69	0	0.0	36	0	0.0	22	0	0.0	94	0	0.0	91	0	0.0	72	0	0.0	1	0	0.0

○ DNA 병원체 양성 검출 참진드기 분석

① 국내 DNA 병원체 양성이 검출된 참진드기 시료 정보 및 병원체 유전자 분석 결과

가) *Anaplasma phagocytophilum*

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Anaplasma (A.) phagocytophilum* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 81). 국내 274마리 참진드기에 대해 46마리의 참진드기에 서 *Anaplasma phagocytophilum* 양성이 검출되었다. 주로, 숙주동물에서 채집된 종 중 흡혈충에서 우세하게 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 82).

표 81. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *A. phagocytophilum* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>A. phagocytophilum</i>	46 / 274 (16.8 %)

표 82. *A. phagocytophilum* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
GW14T2	2022.07.07.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	강원 춘천시	불명
GW14T4	2022.07.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원 춘천시	불명
GW16T8	2022.07.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원 춘천시	농지
GW25T2	2022.07.19.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원 강릉시	도로
GW42T4	2022.09.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원 화천군	산
GGB9T4	2022.06.24.	고라니	<i>Haemaphysalis</i> spp.	성충	♀	○	경기도 남양주시	도로변
GG3T14	2022.07.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	경기도 안산시	농경지
GG7T1	2023.03.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	경기도 화성시	불명
GG7T2	2023.03.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	경기도 화성시	산기슭
GG13T3	2023.05.11.	너구리	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	경기도 성남시	들판
GG13T4	2023.05.11.	너구리	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	경기도 성남시	불명
GG16T1	2023.06.05.	꿩	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	불명
GG16T4	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG16T5	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG16T6	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG16T7	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG16T8	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG18T1	2023.06.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	경기도 용인시	산기슭
GG18T2	2023.06.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭

GG18T3	2023.06.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	경기도 용인시	산기슭
US7T2	2022.08.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	논밭
US11T1	2022.09.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	X	울산광역시 울주군	저수지
US12T3	2022.09.18.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	산기슭
US21T2	2022.10.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	산기슭
US46T	2023.03.26.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	O	울산광역시 중구	산기슭
US56T2	2023.04.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	도로변
US57T1	2023.04.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 남구	산책길
US58T1	2023.05.02.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	주택가
US63T	2023.05.09.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 중구	농경지
US80T1	2023.06.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 울주군	산기슭
US81T1	2023.06.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 북구	산기슭
US84T	2023.06.19.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	울산광역시 남구	숲
CB1T4	2022.10.29.	고라니	<i>Amblyomma tesudinarium</i>	성충	♀	O	충청북도 영동군	농지
CB1T5	2022.10.29.	고라니	<i>Amblyomma tesudinarium</i>	성충	♀	O	충청북도 영동군	농지
CB5T4	2022.10.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	농지
CB5T5	2022.10.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	농지
CB24T9	2022.11.24.	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	주택가
CB52T2	2023.03.31.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	도로
CB59T1	2023.04.18.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	충청북도 음성군	산
CB61T4	2023.04.30.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	충청북도 청주시	농지
CB92T3	2023.05.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 영동군	농지
CB96T1	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	도로
CB97T1	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	도로
CB99T1	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	도로
CB99T2	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	충청북도 청주시	도로
DC30T	2023.05.09.	축새	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	O	대청도	초지

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 *A. phagocytophilum* 양성 밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 동일한 양성 서열에 대해서는 1개의 대표서열만 제시하였다.

• GW14T2(925bp)

```
>GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTACGAGGGTAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAAT
GCATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCC
```

CTGCGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAA
TGGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGA
GATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCT
GATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGAAG
ATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
GAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTCGGTAAGTT
AAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGG
GAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTG
GCGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG
GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGTATTTTATCTC
TGTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTCAA
AGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGATGCAACGCGAAA
AACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

- GW14T4(925bp)

>GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTACGAGGGTAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAAT
GCATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCC
CTGCGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAA
TGGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGA
GATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCT
GATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGAAG
ATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
GAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTCGGTAAGTT
AAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGG
GAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTG
GCGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG
GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGTATTTTATCTC
TGTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTCAA
AGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGATGCAACGCGAAA
AACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

- CB5T(925bp)

>GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTACGAGGGTAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAAC
GCATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCC
CTGCGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAA
TGGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGA
GATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCT
GATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGAAG
ATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
GAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTCGGTAAGTT
AAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGG

GAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTG
GCGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG
GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCTC
TGTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAAC TCAA
AGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAA
AACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

- CB96T1(925bp)

>GTCTGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTATGAGGGTAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATG
CATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCCC
TGCGGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAAT
GGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAC T GAG
ATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTG
ATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAAAC TCTTTCAGTAGGGGAAGA
TAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAAC TCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGG
AGGGGGCAAGCGTTGTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTCCGGTAAGTTA
AAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGGG
AGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTGG
CGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGG
ATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCTCT
GTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAAC TCAA
AGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAA
AACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

- GG3T14(925bp)

>GTCTGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTATGGGGACAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAAT
GCATAGGAATCTACCTAGTAGTATAGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCC
CTGCGGGGGAAAGATTTATCGCTACAAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTA
ATGGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAC T G
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGC
CTGATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAAAC TCTTTCAGTAGGGGA
AGATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAAC TCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA
CGGAGGGGGCAAGCGTTGTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTCCGGTAAG
TTAAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCG
GGAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGT
GGCGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCT
CTGTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAAC T C
AAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGA
AAAACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

- US46T(925bp)

```
>GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTATGGAGGATAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAAT
GCATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCC
CTGCGGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAA
AGGCCTACCAAGGCGATGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGA
GATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCC
GATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGGAAG
ATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
GAGGGGGCAAGCGTTGTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTCGGTAAGTT
AAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGTCCGGG
AGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTGG
CGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGG
ATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATTTTTTATCTCT
GTGTTGTAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTCAA
GGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAAA
ACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTAACCGGAAGGG
```

Anaplasma phagocytopilum 양성 이 검출된 참진드기 중 1마리는 유전자 분석을 통해 *Anaplasma capra*임이 확인되었다. 이 참진드기는 2022년 07월 28일 강원도 강릉시에 서식 하던 고라니에게서 채집된 흡혈한 암컷 성충 *Haemaphysalis longicornis* 로 동정되었다(표 83).

표 83. *Anaplasma capra* 양성 이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
GW25T2	2022.07.28.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	0	강원도 강릉시	도로

♀, 암컷.

- GW25T2(924bp)

```
>GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTACGGATTTGGTTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGCATA
GGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTGGAATGGTGGGTAATAACCGTATAATCCCCGCGGG
GGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTCCGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAATGGCCTACCA
AGGCAGTGATCTGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGAC
TCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCTATGCCGCGT
GAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGAAGATAATGACGGTACCTACAGAAG
AAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTGGTAAGTTAAAGGTGAAATACCAGGGGCTTAACCCTGGG
GCTGCTTTTAATACTGCAGGACTAGAGTCCGGAAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAA
TTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTGTCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGT
GCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTG
AATGTGGGGGCTTTTGCCTCTGTGTTGTAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCG
CAAGACTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGA
```

나) *Anaplasma bovis*

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Anaplasma (A.) bovis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 84). 국내 274마리 참진드기에 대해 14마리의 참진드기에서 *Anaplasma bovis* 양성이 검출되었다. 주로, 숙주동물에서 채집된 *Haemaphysalis longicornis* 종 중 흡혈한 성충 암컷 에서 우세하게 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 85).

표 84. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *A. bovis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률 %)
<i>A. bovis</i>	14 / 274 (5.1 %)

표 85. *A. bovis* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
GW14T2	2022.07.07.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	강원 춘천시	불명
GGB12T7	2022.07.15.	노루	<i>Haemaphysalis</i> spp.	성충	♀	○	경기도 남양주시	숲 근처
GG3T14	2022.07.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	경기도 안산시	농경지
GG16T7	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG16T8	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
GG18T1	2023.06.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	경기도 용인시	산기슭
US11T1	2022.09.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	X	울산광역시 울주군	저수지
US12T3	2022.09.18.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	산기슭
US21T2	2022.10.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	산기슭
US80T1	2023.06.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	산기슭
US81T1	2023.06.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 북구	산기슭
CB96T1	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
CB97T1	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
CB99T2	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로

-, 미해당; ♀, 암컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 *A. bovis* 양성 밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 분석한 유전자 서열이 모두 동일하여 1개의 대표서열만 제시하였다.

• GW14T2(547bp)

```
>TAGCTTGCTATGGGGACAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTACCTAGTG
TATAGGATAGCCACTAGAAAGTGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTGCGGGGGAAAGATTTATC
GCTACATGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCAGTGA
TCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCTATGCCGCGT
GAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAATACTCTTTCAGTGGGGAAGATAATGACGGTACCCACA
GAAGAAGTCCCGGCAAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGCAAGCGTTGT
TCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGTGGTTTGGTAAGTTAAAGGTGAAATGCCAGGG
CTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTGGAGTCCGGGAGA
```

다) *E. chaffeensis*

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Ehrlichia (E.) chaffeensis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 86). 국내 274마리 참진드기에 대해 2마리의 참진드기에서 *E. chaffeensis* 양성이 검출되었다. 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 87).

표 86. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *E. chaffeensis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>E. chaffeensis</i>	2 / 274 (0.7 %)

표 87. *E. chaffeensis* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
CB1T5	2022.10.29.	고라니	<i>Amblyomma tesudinarium</i>	성충	♀	○	충청북도 영동군	농지
CB5T5	2022.10.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	농지

♀, 암컷.

라) *E. canis*

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *E. canis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 88). 국내 274마리 참진드기에 대해 1마리의 참진드기에서 *E. canis* 양성이 검출되었다. 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 89).

표 88. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *E. canis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>E. canis</i>	1 / 274 (0.4 %)

표 89. *E. canis* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
US80T1	2023.06.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	0	울산광역시 울주군	산기슭

♀, 암컷.

마) *Borrelia* spp.

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Borrelia* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 90). 국내 274마리 참진드기에 대해 8마리의 참진드기에서 *Borrelia* 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기에 대해 유전자 분석을 실시하여 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 91).

표 90. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *Borrelia* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Borrelia</i> spp.	8 / 274 (2.9 %)

표 91. *Borrelia* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성 별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Borrelia theileri</i>	GG15T2	2023.05.25.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	경기도 성남시	산기슭
	US83T	2023.06.30.	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 남구	인가
	US84T	2023.06.19..	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	울산광역시 남구	숲
<i>Borrelia miyamotoi</i>	GG16T2	2023.06.05.	꿩	<i>Ixodes nipponnensis</i>	약충	-	○	경기도 용인시	산기슭
	CB53T4	2023.03.09.	고라니	<i>Amblyomma testudinarium</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	농수로
<i>Borrelia garinii</i>	US26T3	2022.11.02.	흰배지빠귀	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 동구	주택가
<i>Borrelia afzelii</i>	CB1T5	2022.10.29.	고라니	<i>Amblyomma testudinarium</i>	성충	♀	○	충청북도 영동군	농지
<i>Borrelia turdi</i>	HS5T1	2023.04.19.	흰배지빠귀	<i>Ixodes turdus</i>	약충	-	○	흑산도	습지

-, 미해당; ♀, 암컷.

한천배지의 목표 위치 705 bp에서 *Borrelia* 양성밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 동일한 양성 서열에 대해서는 1개의 대표서열만 제시하였다.

- US26T3(*Borrelia garinii*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTG
ATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATATAAGTCTATGC
ATAAAATACCACGGCTCAACTGTGGAACATGTTGGAACTATATGTCTAGAGTCTGATAGAGG
AAGTTAGAATTTCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGAAAGAATACCGGAGGCGAAG
GCGAACTTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTAAAAGTTAGTACCGAAG
CTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATTGAC
GGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCA
GGGCTTGACATATATAGGATATAGTTAGAGATAATTATTCCCCGTTTGGGGTCTATATACAGGT
GCTGCATGGTTG
```

- US84T(*Borrelia theileri*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACCCGCGTGAACGAAG
AAGGTCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGT
GATGACGTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAA
GGGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTAT
GTGTAATAATACCACAGCTCAACTGTGGAACATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAG
GGGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCG
AAGGCGAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATT
AGATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTCGAAAGATTAGTACC
GAAGCTAACGTGTTAGGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAA
TTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCT
TACCAGGGCTTGACATATACAGGATATAGTTAGAGATAACTACTCCCCGTTTGGGGTCTATATA
CAGGTGCTGCATGGTTG
```

- GG16T2(*Borrelia miyamotoi*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAGTGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGCG
ATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGCAAGTCTATG
TGTAATAATACCACGGCTCAACTGTGGAACATGCTGGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGGAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCGA
AGGCGAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTCGAAAGTTAGTACCG
```

AAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGTTTCGCAAGAATGAAACTCAAAGGAATT
GACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTA
CCAGGGCTTGACATATACAGGATATAGTTAGAGATAACTATTCCCCGTTTGGGGTCTATATACA
GGTGCTGCATGGTTG

- HS5T1 (*Borrelia turdi*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAGGTG
ATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATGTATAAGTCTATG
CATAAAATACCACGGCTCAACTGTGGAGCTATGTTGGAACTATATGTCTAGAGTCTGATAGAG
GAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAGGGTGGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCGGAGGCGAA
GGCGAACTTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAG
ATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTTAACTAAAAGTTAGTACCGAAG
CTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATTGAC
GGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCA
GGGCTTGACATATATAGGATATAGTTAGAGATAATTATTCCCCGTTTGGGGCCTATATACAGGT
GCTGCATGGTTG

- GG16T2 (*Borrelia afzelii*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGAA
GGTCGAAAGATTGTAAAATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGCGAT
GACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAGGGG
CGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATATAAGTCTATGCATAA
AATACCACAGCTCAACTGTGGAGCTATGTTGGAACTATATGTCTAGAGTCTGATAGAGGAAGTT
AGAATTCCTGGTGTAAGGGTGGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCGGAGGCGAAGGCGAAC
TTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTG
GTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTTAACTAAAAGTTAGTACCGAAGCTAACGTGT
TAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCG
CACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCAGGGCTTGACAT
ATATAGGATATAGTTAGAGATAATTATTCCCCGTTTGGGGTCTATATACAGGTGCTGCATGGTTG

바) *Rickettsia* spp.

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Rickettsia* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 92). 국내 274마리 참진드기에 대해 52마리의 참진드기에서 *Rickettsia* 병원체 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기 및 그 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시한 결과 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 93).

표 92. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *Rickettsia* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Rickettsia</i> spp.	52 / 274 (19.0 %)

표 93. *Rickettsia* 양성이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Rickettsia jingxinensis</i>	GW2T3	2022.06.03.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	강원도 원주시	주택가
	GW2T18	2022.06.03.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	x	강원도 원주시	주택가
	US7T2	2022.08.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	논밭
	US76T	2023.06.02.	까치	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	울산광역시 북구	아파트
	US77T	2023.06.01.	솔부엉이	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	울산광역시 남구	인가
	US80T1	2023.06.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 언양읍	산기슭
	CB60T6	2023.04.05.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	주택가
	CB92T1	2023.05.02	노루	<i>Ixodes scapularis</i>	성충	♀	○	충청북도 영동군	농지
	CB93T1	2023.05.13	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♂	x	충청북도 청주시	산 속
	CB94T1	2023.05.08.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
<i>Rickettsia monacensis</i>	GG7T1	2023.03.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	경기도 화성시	불명
	GG10T1	2023.04.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	경기도 화성시	산기슭
	GG11T1	2023.04.04.	고라니	<i>Ixodes nipponensis</i>	성충	♀	○	경기도 안성시	산기슭

	CB25T2	2022.11.24.	고라니	<i>Amblyomma testudinarium</i>	성충	♂	X	충청북도 청주시	도로
	HS8T	2023.05.25.	쇠개개비	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	O	흑산도	습지
<i>Rickettsia heilongjiangensis</i>	DC26T2	2023.04.28.	되지빠귀	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	대청도	초지
	DC30T	2023.04.28.	되지빠귀	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	대청도	초지
<i>Rickettsia</i> spp.	GW4T16	2022.06.03.	참매	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	강원도 강릉시	주택가
	GW16T8	2022.07.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 춘천시	농지
	GW19T3	2022.07.14.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 강릉시	농지
	GW20T2	2022.07.14.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 강릉시	농지
	GW21T1	2022.07.14.	너구리	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	O	강원도 횡성군	농지
	GW22T15	2022.07.15.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 동해시	불명
	GW22T19	2022.07.15.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 동해시	불명
	GW22T20	2022.07.15.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 동해시	불명
	GW22T21	2022.07.15.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 동해시	불명
	GW22T22	2022.07.15.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	강원도 동해시	불명
	GW43T17	2022.09.08.	노루	<i>Ixodes</i> spp.	약충	-	O	강원도 태백시	산
	GGB9T4	2022.06.24	고라니	<i>Haemaphysalis</i> spp.	성충	♀	O	경기도 남양주시	도로변
	GGB11T4	2022.07.15	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	경기도 연천군	숲
	GGB11T9	2022.07.15	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	경기도 연천군	숲
	GGB11T10	2022.07.15	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	경기도 연천군	숲
	GGB11T11	2022.07.15	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	경기도 연천군	숲
	GGB11T14	2022.07.15	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	경기도 연천군	숲
	GG16T8	2023.06.05.	괭	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	O	경기도 용인시	산기슭
	US14T3	2022.09.29.	수리부엉이	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	x	울산광역시 남구	아파트
	US29T2	2022.11.15.	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	O	울산광역시 북구	산기슭

US30T2	2022.11.15.	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 중구	주택가
US46T	2023.03.26.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	울산광역시 중구	산기슭
US54T1	2023.04.07.	너구리	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 북구	인가
US57T1	2023.04.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 남구	산책길
US58T1	2023.05.02.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	주택가
US65T1	2023.05.12.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	울산광역시 북구	도로변
US66T	2023.05.19.	너구리	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	울산광역시 중구	인가
US68T	2023.05.25.	집비둘기	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	울산광역시 북구	인가
US70T1	2023.05.31.	고라니	<i>Ixodes nipponensis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	도로변
US78T4	2023.06.03.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	x	울산광역시 온양읍	인가
US79T1	2023.06.03.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 범서읍	농경지
US81T1	2023.06.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 북구	산기슭
CB22T3	2022.11.14.	너구리	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	하천
HS6T	2023.04.20.	흰배지빠귀	<i>Ixodes turdus</i>	약충	-	○	흑산도	습지
HS7T	2023.05.02.	흰배멧새	<i>Ixodes turdus</i>	약충	-	○	흑산도	습지

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

한천배지의 목표 위치 336 bp에서 *Rickettsia* 양성밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 동일한 양성 서열에 대해서는 1개의 대표서열만 제시하였다.

- GW2T3(*Rickettsia jingxinensis*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCTGAGTATATTCCTCGATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCATTTAGGTTAATGGGTTTTGGTCATCGTGTATATAAAA
ACTATGACCCGCGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAAGGAACTCGGG
CAGCTAGACAACAATCCGCTCTTACAAATAGCAATAGAACTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATG
AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCGGGTATTATCTATAAGGCTA
TGGGTATACCGTCGC
```

- GG7T1(*Rickettsia monacensis*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCTGAGAATATCCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCGTTTAGGTTAATGGGTTTCGGTCATCGTGTATATAAAA
AACTATGACCCGCGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAAGGAACTCGAA
CAGTTAGAAAATAATCCACTTTTACAAATAGCAATAGAACTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATG
AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCAGGTATTATCTATAAAGCTA
TGGGTATACCGTCGC
```

- CB25T2(*Rickettsia heilongjiangensis*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCTGAGTATATTCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCATTTAGGTTAATGGGTTTTGGTCATCGTGTATATAAAA
ACTATGACCCGCGTGCCACAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAAGGAACTCGGGC
AGCTAGACAACAATCCGCTCTTACAAATAGCAATAGAACTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATGA
ATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCGGGTATTATCTATAAGGCTAT
GGGTATACCGTCGC
```

사) *Bartonella* spp.

국내 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Bartonella* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 94). 국내 274마리 참진드기에 대해 18마리의 참진드기에서 *Bartonella* 병원체 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기 및 그 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시한 결과 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 95).

표 94. 국내 지역 수집 참진드기를 이용한 *Bartonella* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Bartonella</i> spp.	18 / 274 (6.6 %)

표 95. *Bartonella* 양성 이 검출된 국내 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Bartonella schoenbuchensis</i>	CB92T1	2023.05.02.	노루	<i>Ixodes scapularis</i>	성충	♀	○	충청북도 영동군	농지
	CB93T1	2023.05.13.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♂	x	충청북도 청주시	산 속
	CB96T1	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
	CB99T1	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
	DC18T	2023.04.16.	쇠붉은뺨멧새	<i>Haemaphysalis concinna</i>	약충	-	○	대청도	초지
	DC21T	2023.04.18.	흰배지빠귀	<i>Haemaphysalis concinna</i>	약충	-	○	대청도	초지
	DC22T1	2023.04.19.	되지빠귀	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	대청도	초지
	US56T2	2023.04.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	도로변
<i>Bartonella</i> spp.	GW10T10	2022.07.01.	노루	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	강원도 강릉시	주택가
	GW40T22	2022.08.18.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원도 평창군	불명
	GW42T4	2022.09.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원도 화천군	산
	GW43T17	2022.09.08.	노루	<i>Ixodes</i> spp.	약충	-	○	강원도 태백시	산
	GW44T3	2022.09.13.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	강원도 철원군	산
	CB56T10	2023.04.10.	노루	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
	CB60T6	2023.04.05.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	주택가
	CB92T3	2023.05.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 영동군	농지
	CB99T2	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	충청북도 청주시	도로
	US21T2	2022.10.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울산광역시 울주군	산기슭

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

한천배지의 목표 위치 365 bp에서 *Bartonella* 양성밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 동일한 양성 서열에 대해서는 1개의 대표서열만 제시하였다.

- CB92T1(*Bartonella schoenbuchensis*, 365bp)

```
>CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTT
CAAGTCCTCCCAGGCCACCATTTATGATTGCTGATAAGTTTGTGAATGT
TTTGATGGTCTTTTATCTTACGATCTTTCACCTTTTATGTTGCAATCTTTCAAAAGTATTTGAACTG
TTTTAGGGGCCGTAGCTCAGCTGGGAGAGCACCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTCG
ATCCCGTCCGGCTCCACCATCTTTGGTTATCATCATCGTTAAAGAACAATGTTTGCAATAGATC
TACAGATCTTAAGTCTATCATCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGTG
```

② 국외 DNA 병원체 양성이 검출된 참진드기 시료 정보 및 병원체 유전자 분석 결과

가) *Anaplasma phagocytophilum*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Anaplasma (A.) phagocytophilum* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 96). 국외 602마리 참진드기에 대해 18마리의 참진드기에 서 *Anaplasma phagocytophilum* 양성이 검출되었다. 주로, 숙주동물에서 채집된 종 중 흡혈충에서 우세하게 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 97).

표 96. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *A. phagocytophilum* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>A. phagocytophilum</i>	18 / 602 (3.0 %)

표 97. *A. phagocytophilum* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
TH63T11	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	태국	목장
TH66T	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	태국	목장
PH14T6	2022.12.05.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♂	X	필리핀	목장
PH14T9	2022.12.05.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	X	필리핀	목장
VN5T4	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	베트남 하노이	소 목장
VN7T2	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	베트남 하노이	소 목장
VN19T2	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	베트남 하노이	소 목장
VC5T2	2023.07.21.	염소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	약충	-	O	베트남 호치민	염소 목장
VC5T4	2023.07.21.	염소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	약충	-	O	베트남 호치민	염소 목장
IN18T2	2022.02.21.	양	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	O	인도네시아	목장

PK5T1	2023.03.16	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	파키스탄	목장
PK6T9	2023.03.16	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♂	X	파키스탄	목장
PK7T2	2023.03.16	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	파키스탄	목장
PK16T2	2023.03.17	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	파키스탄	목장
PK16T4	2023.03.17	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♂	X	파키스탄	목장
PK33T3	2023.02.20.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	O	파키스탄	농지
PK38T1	2023.03.07.	염소	<i>Hyalomma anatolicum</i>	성충	♀	O	파키스탄	인가
PK59T1	2023.05.25.	소	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	O	파키스탄	습지

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 925 bp에서 *A. phagocytophilum* 양성밴드가 검출된 시료 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다. 동일한 양성 서열에 대해서는 1개의 대표서열만 제시하였다.

- PH14T6(925bp)

```
>GTCGAACGCGGGTATTCTTTATAGCTTGCTACGAGGGTAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAA
TGCATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATC
CCTGCGGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTA
ATGGCCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGA
AGATACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGC
CTGATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAAACCTCTTTCAGTAGGGA
AGATAATGACGGTACCTACAGAAGAAGTCCCGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA
CGGAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTTCGGTAAG
TTAAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCG
GGAGAGGATAGCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGT
GGCGAAGGCGGCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCT
CTGTGTTGAAGCTAACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTC
AAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGA
AAAACCTTACCACTCCTTGACATGGAGATTAGATCCTCTATAACGGAAGGG
```

나) *Anaplasma bovis*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Anaplasma bovis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 98).

표 98. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *A. bovis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률 %)
<i>A. bovis</i>	2 / 602 (0.3 %)

국외 602마리 참진드기에 대해 2마리의 참진드기에서 *Anaplasma(A.) bovis* 양성이 검출되었다. 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 99). 양성이 검출된 참진드기 중 1마리(VC5T4)는 2022년 07월 21일 베트남 호치민의 염소목장에서 사육하던 염소에게서 채집된 흡혈 약충 *Haemaphysalis bispinosa* 로 동정되었다. 1마리(IN10T)는 2023년 02월 21일 인도네시아의 목장에서 사육하던 양에게서 채집된 흡혈 약충 *Haemaphysalis bispinosa*로 동정되었다.

표 99. *A. bovis* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
VC5T4	2022.07.21.	염소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	약충	-	○	베트남 호치민	염소목장
IN10T	2023.02.21.	양	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	약충	-	○	인도네시아	목장

-, 미해당.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 547 bp에서 *A. bovis* 양성 밴드가 검출된 시료의 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

• IN10T(547bp)

```
>TTTTTTAGCTTTGCTTATGGGGACAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTAC
CTAGTAGTATAGGATAGCCACTAGAAAGTGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTGCGGGGAAAG
ATTTATCGCTACATGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGG
CAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCTATGC
CGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTGGGGAAGATAATGACGGTAC
CCACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGCAAGC
GTTGTTCCGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGTGGTTTGGTAAGTTAAAGGTGAAATGC
CAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTGGAGTCCGGGGAGAATAGA
```

다) *E. chaffeensis*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Ehrlichia(E.) chaffeensis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 100). 국외 602마리 참진드기에 대해 8마리의 참진드기에서 *E. chaffeensis* 양성이 검출되었다. 양성이 검출된 참진드기의 동정 정보는 다음과 같다(표 101). 양성이 검출된 참진드기 8마리는 모두 파키스탄에서 채집된 참진드기였으며, 목장, 경작지, 습지, 인가 등에서 사육하는 소와 개에서 채집한 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Rhipicephalus microplus*, *Hyalomma anatolicum*, *Rhipicephalus sanguineus* 종으로 동정되었다.

표 100. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *E. chaffeensis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>E. chaffeensis</i>	8 / 602 (1.3 %)

표 101. *E. chaffeensis* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
PK5T1	2023.03.16.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	파키스탄	목장
PK7T2	2023.03.16.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	파키스탄	경작지
PK10T1	2023.03.16.	소	<i>Hyalomma anatolicum</i>	성충	♀	○	파키스탄	경작지
PK15T1	2023.03.17.	소	<i>Hyalomma anatolicum</i>	성충	♀	○	파키스탄	경작지
PK16T2	2023.03.17.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	파키스탄	경작지
PK47T1	2023.05.18.	소	<i>Hyalomma anatolicum</i>	성충	♀	○	파키스탄	경작지
PK63T1	2023.05.25.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	○	파키스탄	습지
PK65T1	2023.05.28.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	○	파키스탄	인가

♀, 암컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 *E. chaffeensis* 양성 밴드가 검출된 시료의 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

• PK47T1(366bp)

```
>TTAAGCTTACCACATGCAAGTCGAACGGATAATTGTTTATATCTTTGGTATAAATAATTGTTAG
TGGCAGACGGGTGAGTAATGGGTAGGAATCTACCTAGTAGTATGGAATAGCCATTAGAAAGTT
GTGGGTAATCATATAATCCTTGCGGGGGGGGGGAAAGTATTATATGTAGGGATGAGCTTGCAT
TTGATTAGCTCGTTAGTGAAGTAAATTACCACGAGTATGAGATATAGATGGGGTGTGAGGGCA
ATCTCCCACACACAGAAAGTGAGATACTCTCCATTCTCATAGGGGACATCGCTGTGGGGAATT
TATACCAAAGATATAAACAATTATCCGTTGACTTGCATGTGTTAAGCTT
```

라) *E. canis*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *E. canis* 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 102). 국외 602마리 참진드기에 대해 7마리의 참진드기에서 *E. canis* 양성이 검출되었다. 양성이 검출된 참진드기의 동정정보는 다음과 같다(표 103). 양성이 검출된 참진드기 7마리는 태국, 필리핀, 베트남 하노이에서 채집되었으며, 주로 목장, 인가, 외양간에서 사육하는 소와 개에서 채집한 참진드기 *Rhipicephalus microplus*, *Rhipicephalus sanguineus* 종으로 동정되었다. 태국의 한 목장에서 채집된 1마리 *Rhipicephalus microplus* 는 플래깅(flagging) 방법으로 채집되었으며, 비흡혈 성충 암컷 참진드기로 동정되었다.

표 102. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *E. canis* 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>E. canis</i>	7 / 602 (0.4 %)

표 103. *E. canis* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
TH62T	2022.08.10.	기타	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	X	태국	목장
TH63T11	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	태국	목장
TH66T	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	태국	목장
PH9T3	2022.12.02.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	X	필리핀	인가
VN9T1	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♂	X	베트남 하노이	외양간
VN12T10	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	베트남 하노이	외양간
VN12T15	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	O	베트남 하노이	외양간

기타, 플래깅으로 채집; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 *E. canis* 양성 밴드가 검출된 시료의 유전자 분석을 실시하였고, 확인된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

• PH9T3 (259 bp)

```
>TATAGGTACCGTCATTATCTTCCCTATTGAAAGAGTTTTACAACCCGAAGGCCTTCTTCACTC
ACGCGGCATAGCTGGATCAGGCTTTCGCCATTGTCCAATATCCCCACTGCTGCCTCCCGTA
GGAGTCTGGACCGTATCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAGACCAGCTATAGATCA
TAGCCTTGGTAAGCCATTACCTCACCACTAGCTAATCTAACGTAGGCTCATCTAATAGCGATA
AATCTTTCCCCCTCGGGGATTATACAGTATTACCCACCATTTCTAATGGCTATTCCGTACTACT
AGGTAGATTCTACGCATTA CTACCCGTCTGCCACTAACAATTTCTATAGCCAGAGGCTTA
```

마) *Borrelia*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Borrelia* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 104). 국외 602마리 참진드기에 대해 25마리의 참진드기에서 *Borrelia* 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기에 대해 유전자 분석을 실시하여 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 105). 동일한 유전자 서열은 대표서열 1개만 제시하였다. 양성이 검출된 참진드기는 필리핀, 베트남 호치민, 일본 홋카이도, 인도네시아, 파키스탄에서 채집되었으며, 주로 소 목장, 염소 목장, 뱀 도살장, 인가, 목장에서 사육하는 소, 염소, 뱀에서 채집되었으며 *Rhipicephalus microplus*, *Amblyomma varanense*, *Haemaphysalis bispinosa* 종으로 동정되었다. 일본 홋카이도의 숲에서 채집된 참진드기는 섬촉새, 박새, 검은지빠귀에서 채집되었으며 *Ixodes persulcatus* 종으로 동정되었다.

표 104. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *Borrelia* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Borrelia</i> spp.	25 / 602 (4.2 %)

표 105. *Borrelia* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Borrelia theileri</i>	PH14T55	2022.12.05.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	필리핀	목장
	PH19T84	2022.12.06.	소	<i>Rhipicephalus</i> spp.	약충	-	X	필리핀	소 목장
	PH20T2	2022.12.06.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	필리핀	소 목장
	PH24T12	2022.12.06.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	필리핀	소 목장
	PH24T36	2022.12.06.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	필리핀	소 목장
	VC4T1	2022.07.21.	염소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 호치민	염소 목장
	PK2T1	2023.03.16.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	파키스탄	목장
PK2T2	2023.03.16.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	파키스탄	목장	
<i>Borrelia turcica</i>	IN21T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN22T2	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN23T9	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN25T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN26T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♂	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN28T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
<i>Borrelia garinii</i>	JP12T2	2023.05.03.	섬족새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
	JP18T3	2023.05.13.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
	JP20T1	2023.05.13.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
<i>Borrelia afzelii</i>	JP14T	2023.05.03.	박새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
<i>Borrelia</i> spp.	IN20T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN23T6	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	약충	-	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN23T7	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	약충	-	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN24T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN28T2	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN28T3	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	인도네시아	뱀 도살장
	IN29T1	2023.02.23.	기타 ¹⁾	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	인도네시아	인가

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

¹⁾ 인도네시아 협력 연구진에게 공유받은 참진드기로서, 인가에서 채집되었음.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 705 bp에서 *Borrelia* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

- JP12T2(*Borrelia garinii*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAATAATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTG
ATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATATAAGTCTATGC
ATAAAATACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGTTGGAACTATATGTCTAGAGTCTGATAGAGG
AAGTTAGAATTTCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGAAAGAATACCGGAGGCGAAG
GCGAACTTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTAAAAGTTAGTACCGAAG
CTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAACTCAAAGGAATTGAC
GGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCA
GGGCTTGACATATATAGGATATAGTTAGAGATAATTATCCCCGTTTGGGGTCTATATACAGGT
GCTGCATGGTTG
```

- VC4T1(*Borrelia theileri*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACTAAGTG
ATGACGTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTATG
TGTAATAATACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCGA
AGGCGAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTCGAAAGTTAGTACCG
AAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAACTCAAAGGAATT
GACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTA
CCAGGGCTTGACATATACAGGATATAGTTAGAGATAACTACTCCCCGTTTGGGGTCTATATACA
GGTGCTGCATGGTTG
```

- PH14T55(*Borrelia theileri*, 705bp)

```
>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACTAAGTG
ATGACGTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTATG
TGTAATAATACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCGA
AGGCGAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTCGAAAGGT
```

TAGTACCGAAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCA
AAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAG
GAACCTTACCAGGGCTTGACATATACAGGATATAGTTAGAGATAACTACTCCCCTTTTGGGGTC
TATATACAGGTGCTGCATGGTTG

- PH19T84(*Borrelia theileri*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAGGTG
ATGACGTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTATG
TGTAATAACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCCGA
AGGCCAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTTAATCGAAAGGTTAGTACCG
AAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATT
GACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTA
CCAGGGCTTGACATATACAGGATATAGTTAGAGATAACTACTCCCCTTTTGGGGTCTATATACA
GGTGCTGCATGGTTG

- PK2T2(*Borrelia theileri*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTG
ATGACGTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTATG
TGTAATAACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCCGA
AGGCCAACTTCTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTTAATCGAAAGGTTAGTACCG
AAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATT
GACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTA
CCAGGGCTTGACATATGCAGGATATAGTTAGAGATAACTACTCCCCTTTTGGGGTCTATATACA
GGTGCTGCATGGTTG

- IN21T1(*Borrelia turcica*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGA
AGGTCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTG
ATGACGTTAATTTAGGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAG
GGGCGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGCAAGTCTATG
CGTAAATAACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGG
GGAAGTTAGAATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCCGA

AGGCGAACTTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTA
 GATACCCTGGTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTGAAAGGTTGGTACCG
 AAGCTAACGTGTTAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATT
 GACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGAAACCTTA
 CCAGGGCTTGACATATATAGGATATGGTTAGAGATAACTATTCCCCGTTTGGGGTCTATATACA
 GGTGCTGCATGGTTG

- JP14T(*Borrelia afzelii*, 705bp)

>GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGAA
 GGTCAAAGATTGTAAAATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGCGAT
 GACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAAGGGG
 CGAGCGTTGTTCCGGGATTATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATATAAGTCTATGCATAA
 AATACCACAGCTCAACTGTGGAGCTATGTTAGAACTATATGTCTAGAGTCTGATAGAGGAAGTT
 AGAATTTCTGGTGTAAGGGTGGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCGGAGGCGAAGGCGAAC
 TTCTGGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTG
 GTAGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTAACTAAAAGTTAGTACCGAAGCTAACGTGT
 TAAGTGTGCCGCCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCG
 CACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCAGGGCTTGACAT
 ATATAGGATATAGTTAGAGATAATTATTCCCCGTTTGGGGTCTATATACAGGTGCTGCATGGTTG

바) *Rickettsia*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Rickettsia* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 106). 국외 602마리 참진드기에 대해 41마리의 참진드기에서 *Rickettsia* 병원체 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기 및 그 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시한 결과 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 107). *Rickettsia tamurae*, *Rickettsia helvetica*, *Rickettsia monacensis*, *Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia rhipicephali* 종들이 확인되었으며 인도네시아, 대만, 베트남 하노이에서 채집된 참진드기는 *Amblyomma varanense*, *Amblyomma gervaisi*, *Rhipicephalus sanguineus*, *Haemaphysalis bispinosa*로 동정되었다. 일본 홋카이도와 몽골에서 채집된 참진드기는 *Ixodes nipponensis*, *Ixodes persulcatus*로 동정되었다. 동일한 유전자 서열은 대표서열 1개만 제시하였다.

표 106. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *Rickettsia* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Rickettsia</i> spp.	41 / 602 (6.8 %)

표 107. *Rickettsia* 양성 이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Rickettsia tamurae</i>	IN22T2	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	0	인도네시아	뱀 도살장
	IN38T9	2023.02.14.	물왕도마뱀	<i>Amblyomma gervaisi</i>	성충	♀	0	인도네시아	동물원
<i>Rickettsia helvetica</i>	JP14T	2023.05.03.	박새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP22T	2023.05.31.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
<i>Rickettsia monacensis</i>	JP13T2	2023.05.03.	섬족새	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP16T3	2023.05.05.	검은멧새	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
<i>Rickettsia tarasevichiae</i>	JP17T	2023.05.07.	쇠유리새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	MG26T2	2022.08.13.	솔새사촌	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	X	몽골	초지
	MG28T	2022.09.08.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	X	몽골	초지
	MG33T	2022.09.09.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG34T	2022.09.10.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
<i>Rickettsia rhipicephali</i>	TW25T	2023.03.23.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	0	대만	농촌
	VN1T2	2022.12.19.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	x	베트남 하노이	개 보호소
	JP13T3	2023.05.03.	섬족새	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP16T2	2023.05.05.	검은멧새	<i>Ixodes nipponensis</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP18T3	2023.05.13.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP20T1	2023.05.13.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	JP21T	2023.05.31.	검은멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	일본 홋카이도	숲
	MG17T2	2022.09.01.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG17T3	2022.09.01.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG18T	2022.09.01.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG31T	2022.09.09.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG32T	2022.09.09.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG35T	2022.09.11.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	MG36T	2022.09.15.	쇠붉은뺨멧새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	0	몽골	초지
	IN12T8	2023.02.21.	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	0	인도네시아	목장
	IN26T1	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma gervaisi</i>	성충	♂	0	인도네시아	뱀 도살장
	TW26T	2023.03.24.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	농촌
	TW32T1	2023.03.31.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	초지
	TW32T3	2023.03.29.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	0	대만	초지
	TW34T1	2023.03.31.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	초지
TW35	2023.03.31.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	언덕	
TW36T1	2023.03.31.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	공원	
TW37T	2023.04.06.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	농촌	
TW39T1	2023.04.07.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	X	대만	농촌	
TW45T1	2023.04.17.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	농촌	
TW47T4	2023.04.18.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	0	대만	초지	
TW56T1	2023.05.06.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	초지	
TW57T5	2023.05.07.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	0	대만	농촌	
TW59T1	2023.05.08.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	농촌	
TW70T1	2023.05.19.	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	0	대만	농촌	

-, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 336 bp에서 *Rickettsia* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

- IN22T2(*Rickettsia tamurae*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATTGGTAGTTCTGAGAATATTCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCGTTTAGGTTAATGGGTTTCGGTCATCGTGTATATAAAA
AACTATGACCCGCGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAGGAACTCGGA
CAGTTAGAAAATAATCCACTTTTACAAATAGCAATAGAAGCTTGAAGCCATCGCTCTTAAAGATG
AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCAGGTATTATCTATAAAGCTA
TGGGTATACCGTCGC
```

- JP14T(*Rickettsia helvetica*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATTGGTAGTTCTGAGAATATCCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCGTTTAGGTTAATAGGCTTCGGTCATCGTGTATATAAAA
AACTACGATCCACGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACTTGTAAAGGAAGTATTAAGGAACTCGGA
CAGCTAGAAAACAATCCGCTCTTACAAATAGCAATAGAAGCTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATG
AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCGGGTATTATCTATAAAGCTA
TGGGTATACCGTCGC
```

- JP13T2(*Rickettsia monacensis*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCTGAGAATATCCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAAATGATCCGTTTAGGTTAATGGGTTTCGGTCATCGTGTATATAAAA
AACTATGACCCGCGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAGGAACTCGAA
CAGTTAGAAAATAATCCACTTTTACAAATAGCAATAGAAGCTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATAA
TATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCAGGTATTATCTATAAAGCTATG
GGTATACCGTCGC
```

- MG26T2(*Rickettsia tarasevichiae*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCTGAGAATATCCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAAAGATGACCCGTTTAGGTTAATGGGCTTCGGTCATCGTGTCTATAAAA
AACTATGACCCACGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACTTGTAAAGGAAGTATTAAGGAACTTGGGA
CAGCTAGAAAACAATCCGCTCTTACAAATAGCAATAGAAGCTTGAAGCTAGTGCTCTTAAAGATG
AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCGGGTATTATCTATAAAGCTA
TGGGTATACCGTCGC
```

- TW25T(*Rickettsia rhipicephali*, 336bp)

```
>CTAATGAAGCAGTGATAAATATGCTTAAAGAAATCGGTAGTTCAGAGCATATTCCTAAATATAT
AGCTAAAGCTAAGGATAGAAATGATCCATTTAGGTTAATGGGTTTTGGTCATCGTATATATAAAA
ACTATGACCCGCGTGCCGCAGTACTTAAAGAAACGTGCAAAGAAGTATTAAGGAACTCGGG
```

CAGCTAGACAACAATCCGCTCTTACAAATAGCAATAGAACTTGAAGCTATCGCTCTTAAAGATG
 AATATTTTATTGAGAGAAAATTATATCCAAATGTTGATTTTTATTTCGGGTATTATCTATAAAGCTA
 TGGGTATACCGTCGC

사) *Bartonella*

국외 지역에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 이용하여 *Bartonella* spp. 병원체 검사를 진행한 결과이다(표 108). 국외 602마리 참진드기에 대해 16마리의 참진드기에서 *Bartonella* 병원체 양성이 검출되었다. 양성 검출 참진드기 및 그 중 일부를 무작위 선별하여 유전자 분석을 실시한 결과 종 범위까지 동정이 된 참진드기 동정정보는 다음과 같다(표 109). 양성이 검출된 참진드기는 인도네시아, 태국, 필리핀, 베트남 하노이에서 채집되었으며, *Haemaphysalis bispinosa*, *Amblyomma gervaisi*, *Rhipicephalus microplus*, *Rhipicephalus sanguineus*로 동정되었다. 종 단위까지 서열이 확인된 *Bartonella* 병원체는 *Bartonella bovis*로 확인되었다. 동일한 유전자 서열은 대표서열 1개만 제시하였다.

표 108. 국외 지역 수집 참진드기를 이용한 *Bartonella* 병원체 검사 결과

병원체	양성수 / 검사수 (양성률, %)
<i>Bartonella</i> spp.	16 / 602 (2.7 %)

표 109. *Bartonella* 양성이 검출된 국외 채집 참진드기의 동정 정보

병원체	표본 번호	채집 일	동물 종	참진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
<i>Bartonella bovis</i>	IN1T23	2023.02.21	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장
	IN12T8	2023.02.21	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장
	IN38T9	2023.02.14	물왕도마뱀	<i>Amblyomma gervaisi</i>	성충	♀	○	인도네시아	동물원
<i>Bartonella</i> spp.	TH85T1	2022.08.11.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	태국	목장
	PH5T1	불명 ¹⁾	불명 ¹⁾	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♂	X	필리핀	불명
	PH15T11	2022.12.05.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	X	필리핀	목장
	VN8T14	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 하노이	외양간
	VN12T10	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 하노이	외양간
	VN12T13	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 하노이	외양간
	VN15T3	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 하노이	공동방목지
	VC3T1	2023.07.19.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	베트남 호치민	육우사육장
	VC6T	2023.07.21.	염소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	약충	-	○	베트남 호치민	염소 목장
	IN18T3	2023.02.21	양	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장
	IN33T13	2023.02.19	개	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장
	IN35T5	2023.02.14	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장
	IN35T25	2023.02.14	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	인도네시아	목장

* -, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치에서 *Bartonella* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

- IN1T23(*Bartonella bovis*, 354bp)

```
>CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTTCAAGTCC  
TCCCAGGCCACCAATTTATGATCGCTGATAAAGTTTTTTGCGAATGTTTTGATAGTCTTTTGTGTTGCAAT  
CTTTTACTTTTATGTTGCACTTTTAAAAGTTATTTGAACTGTTTTAGGGGCCGTAGCTCAGCTGGGAGAGCA  
CCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTCGATCCCGTCCGGCTCCACCATCTTTGGTTATCATCATCGT  
TGGAGAACAATGTTTGCAATAGATTTATAGATCTTAAGTCTATCATCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGTG
```

- IN12T8(*Bartonella bovis*, 354bp)

```
>CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTTCAAGTCC  
TCCCAGGCCACCAATTTATGATCGCTGATAAAGTTTTTTGCGAACGTTTTGATAGTCTTTTGTGTTGCAAT  
CTTTCACTTTTATGTTGCACTTTTAAAAGTTATTTGAGCTGTTTTAGGGGCCGTAGCTCAGCTGGGAGAGC  
ACCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTCGATCCCGTCCGGCTCCACCATCTTTGGTTATCATCATCG  
TTGGAGAACAATGTTTGCAATAGATTTATAGATCTTAAGTCTATCATCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGTG
```

- IN38T9(*Bartonella bovis*, 354bp)

```
>CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTTCAAGTCC  
TCCCAGGCCACCAATTTATGATCGCTGATAAAGTTTTTTGCGAACGTTTTGATAGTCTTTTGTGTTGCAAT  
CTTTCACTTTTATGTTGCACTTTTAAAAGTTATTTGAACTGTTTTAGGGGCCGTAGCTCAGCTGGGAGAGCA  
CCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTCGATCCCGTCCGGCTCCACCATCTTTGGTTATCATCATCGT  
TTGAGAACAATGTTTGCAATAGATTTATAGATCTTAAGTCTATCATCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGTG
```

③ DNA 병원체 양성 검출 시료 유전자의 계통발생학적 분석을 통한 유전자형 파악

병원체 유전자의 계통발생학적 분석을 통해 DNA 병원체 양성이 검출된 참진드기의 유전자형이 어느 군집에 속하는지 조사하였다(그림 159-162).

채집된 참진드기 중 고라니, 노루, 꿩, 소, 염소. 개에서 검출된 *Anaplasma phagcytophilum*, *A. bovis*, *A. capra* 의 계통발생학적 분석 결과는 다음과 같다(그림 159). *A. phagcytophilum*이 검출된 참진드기 시료 중 한국의 고라니에게서 채집한 참진드기 US46T (Accession No.: PP346261)의 유전자형 분석결과, 중국의 쥐에서 검출된 *Anaplasma phagcytophilum* 유전자(DQ458807)과 100% 일치하는 것을 확인하였다. *A. bovis*가 검출된 GW14T2(PP348754), GGB12T7(PP348755), GG16T7(PP348756), GG3T14(PP348757), CB96T1(PP348758), US12T3(PP348759)의 경우 일본의 참진드기에서 검출된 *A. bovis*(AB196475)와 유전자형과 100% 일치하는 것으로 확인하였으며, IN10T(PP348760)과는 98.28% 일치하는 것으로 나타났다. 채집된 참진드기 중 고라니, 꿩, 고라니, 철새. 소, 염소, 뱀에서 검출된 *Borrelia* 속 병원체의 계통발생학적 분석 결과는 다음과 같다(그림160). *Borrelia theileri*는 참진드기 PH19T84(PP346302), PK2T2(PP346307). PH20T2(PP346303), PK2T1(PP346306), PH14T55(PP346301), PH24T12(PP346304), PH24T36(PP346305), VC4T1(PP346311). US84T(PP346308), US83T(PP346309). GG15T2(PP346310)에서 검출되었으며, 이 중 한국의 고라니에게서 채집된 GG15T2(PP346310)의 유전자형은 한국의 너구리에게서 검출된 유전자 KY458576와 100% 유사한 것으로 나타났다. *Borrelia miyamotoi*는 참진드기 GG16T2(PP346299)와 CB53T4(PP346300)에서 검출되었으며, *Borrelia miyamotoi*가 검출된 러시아의 참진드기(JF951384)와 유전자형이 가장 가까운 것으로 나타났다. *Borrelia turcica*는 참진드기 IN26T1(PP346316), IN23T9(PP346317), IN28T1(PP346315), IN25T1(PP346314), IN22T2(PP346313), IN21T1(PP346312)에서 검출되었다. *Borrelia afzelii*는 참진드기 JP14T(PP346267), CB1T5(P346268)에서 검출되었으며, *Borrelia americana*가 검출된 미국의 새(HM802226)의 유전자형과 99.72% 일치하는 것으로 나타났다. *Borrelia turdi*는 HS5T1(PP348762)에서 검출되었으며, 이 참진드기는 한국의 흑산도에서 채집되었다. *Borrelia garinii*는 참진드기 US26T3(PP346276), JP12T2(PP346277), JP18T3(PP346278), JP20T1(PP346279)에서 검출되었으며, 이; 중 일본에서 채집된 참진드기 JP12T2(PP346277), JP18T3(PP346278), JP20T1(PP346279)은 *Borrelia garinii*가 검출된 러시아의 참진드기(EF488990)의 유전자형과 100% 일치하는 것으로 나타났다. 채집된 참진드기 중 고라니, 텃새, 노루, 철새, 뱀에서 검출된 *Rickettsia* 병원체의 계통발생학적 분석 결과는 다음과 같다(그림161). *Rickettsia jingxinensis*는 참진드기 US77T(PP341403), US76T(PP341402), US80T1(PP341401), US7T2(PP341400), CB94T1(PP341399), CB93T1(PP341398), CB92T1(PP341397), CB60T6(PP341396). GW2T3(PP341394), GW2T18(PP341395)에서 검출되었으며, 한국에서 채집된 참진드기 OL687199와 유전자 서열이 100% 일치하는 것으로 확인되었다. *Rickettsia heilongjiangensis*는 DC26T2(PP341384), DC30T(PP341383)에서 검출되었으며, 한국에서 채집된 참진드기 OL687196과 유전자 시퀀스가 100% 일치하는 것으로 확인되었다. *Rickettsia helvetica*는 JP14T(PP341385), JP22T(PP341386)에서 검출되었으며, 참고서열 중에서는 *Rickettsia helvetica*로 확인된 세르비아와 슬로바키아의 참진드기 MH618386, MG373863의 서열과 99.40% 일치하는 것으로 확인되었다. *Rickettsia tamurae*는 IN38T9(PP341381), IN22T2(PP341382)에서 검출되었으며, 모두 인도네시아의 뱀에서 채집되었다. *Rickettsia monacensis*는 GG7T1(PP341387), GG10T1(PP341388), GG11T1(PP341389), CB25T2(PP341390), HS8T(PP341391), JP13T2(PP341392),

JP16T3(PP341393)에서 검출되었으며, *Rickettsia monacensis* 가 검출된 한국의 참진드기 (OL687206)의 유전자염기서열과 100% 일치하는 것으로 나타났다. 채집된 참진드기 중 고라니, 노루, 철새, 소에서 검출된 *Bartonella* 병원체의 계통발생학적 분석 결과는 다음과 같다 (그림162). *Bartonella schoenbuchensis*는 DC22T1(PP349763), DC21T(PP349762), CB93T1(PP349761), CB99T1(PP349760), US56T2(PP349759), DC18T(PP349758), CB96T1(PP349757), CB92T1(PP349789)에서 검출되었으며, 스위스에서 검출된 CP019789의 유전자염기서열과 99.72% 일치하는 것을 확인하였다. *Bartonella bovis*는 IN1T23(PP349749), IN38T9(PP349750), IN12T8(PP349751)에서 검출되었으며 리투아니아에서 검출된 OP888096 과 99.71% 일치하는 것을 확인하였다.

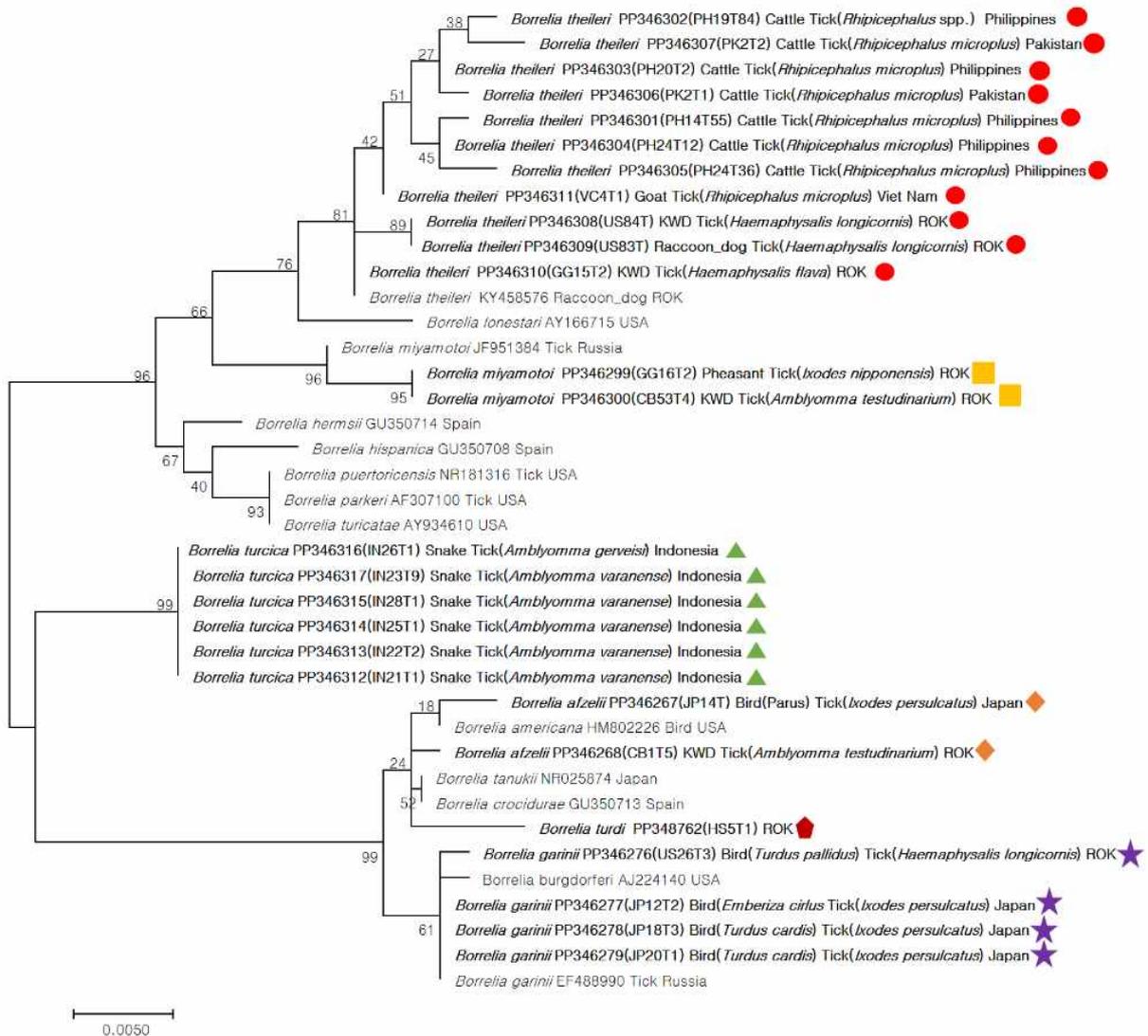


그림 163. 국내 경기(고라니, 꿩), 울산(철새), 충북(고라니), 흑산도(철새) 지역과 국외 필리핀 (소), 베트남 호치민(염소), 파키스탄(소), 인도네시아(뱀), 일본(철새)에서 채집된 참진드기에서 *Borrelia* 병원체가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. Kwd, Korea water deer(고라니); ARD, Asian roe deer; ROK, Republic of Korea; ●, *Borrelia theileri*; ■, *Borrelia miyamotoi*; ▲, *Borrelia turcica*; ◆, *Borrelia afzelii*; ◆, *Borrelia turdi*; ☆, *Borrelia garinii*.

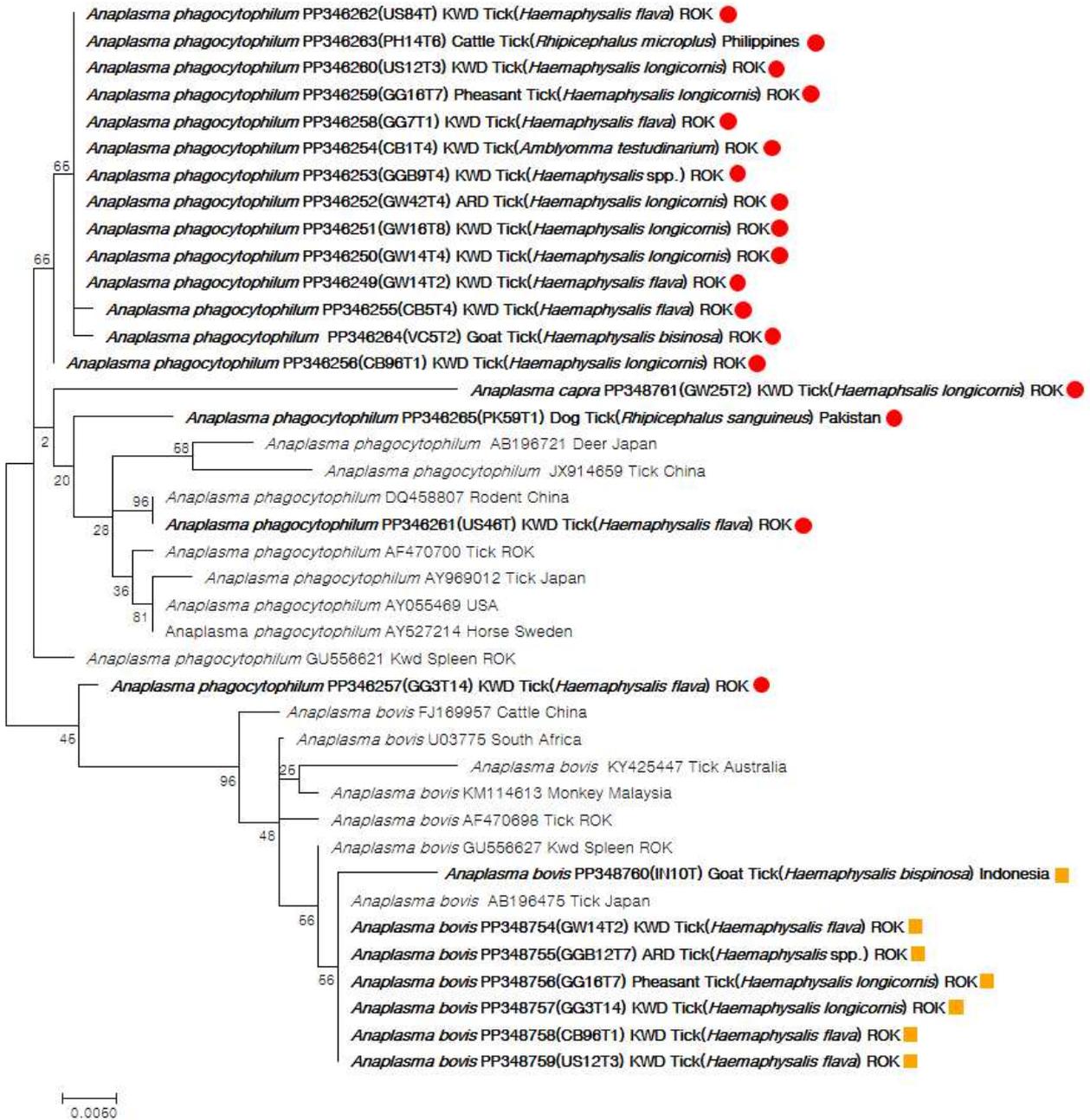


그림 159. 국내 강원(고라니), 경기(고라니, 노루, 꿩), 충북(고라니), 울산(고라니) 지역과 국외 필리핀(소), 베트남 호치민(염소), 파키스탄(개), 인도네시아(염소)에서 채집된 참진드기에서 *Anaplasma* 병원체가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. Kwd, Korea water deer(고라니); ARD, Asian roe deer; ROK, Republic of Korea; ●, *Anaplasma phagocytophilum*; ■, *Anaplasma capra*; ▲, *Anaplasma bovis*.

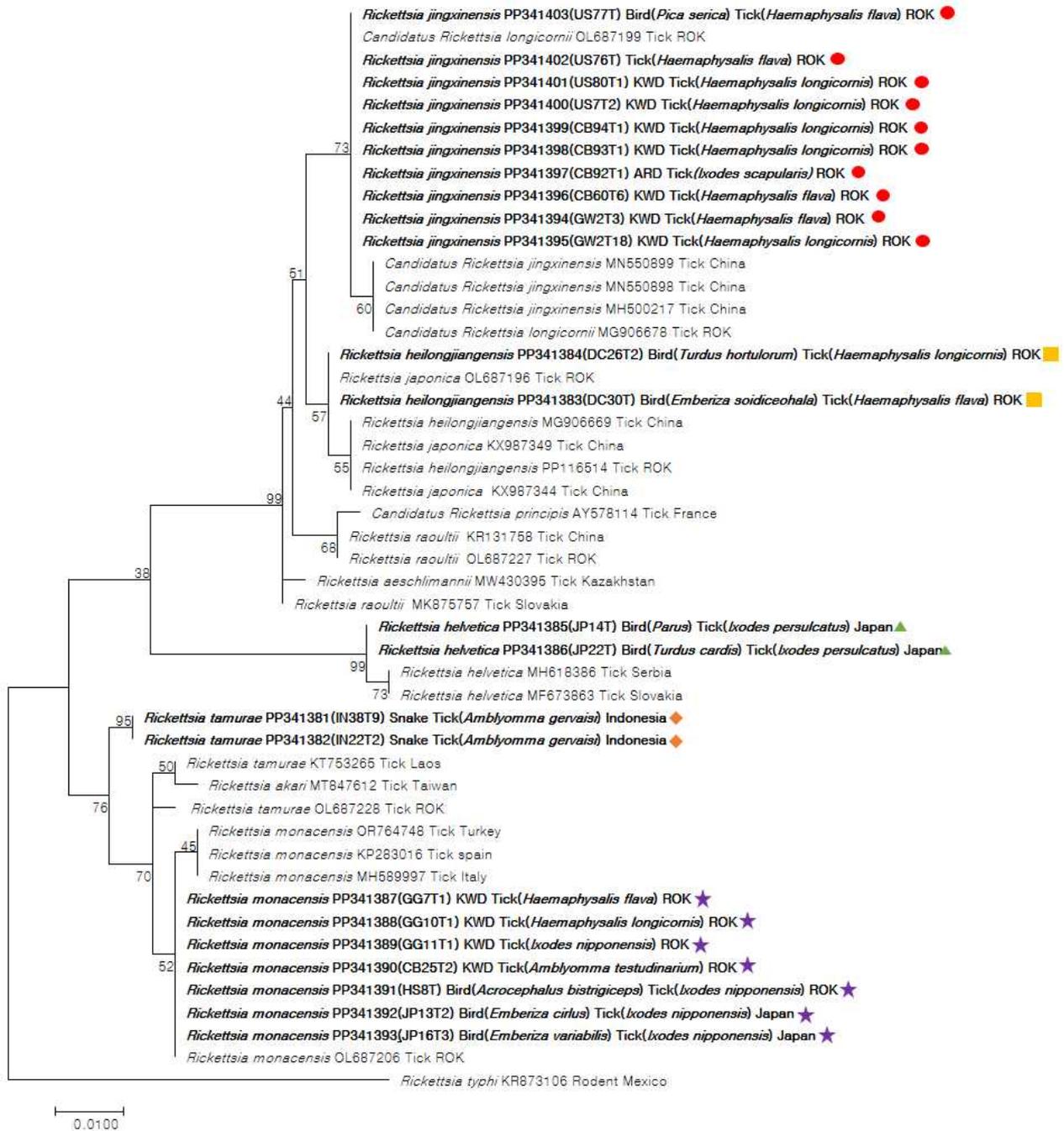


그림 161. 국내 강원(고라니), 경기(고라니), 울산(털새, 고라니), 충북(고라니, 노루), 충청도(철새), 흑산도(철새) 지역과 국외 인도네시아(뱀), 일본(철새)에서 채집된 참진드기에서 *Borrelia* 병원체가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. Kwd, Korea water deer(고라니); ARD, Asian roe deer; ROK, Republic of Korea; ●, *Rickettsia jingxinensis*; ■, *Rickettsia heilongjiangensis*; ▲, *Rickettsia helvetica*; ◆, *Rickettsia tamurae*; ★, *Rickettsia monacensis*.

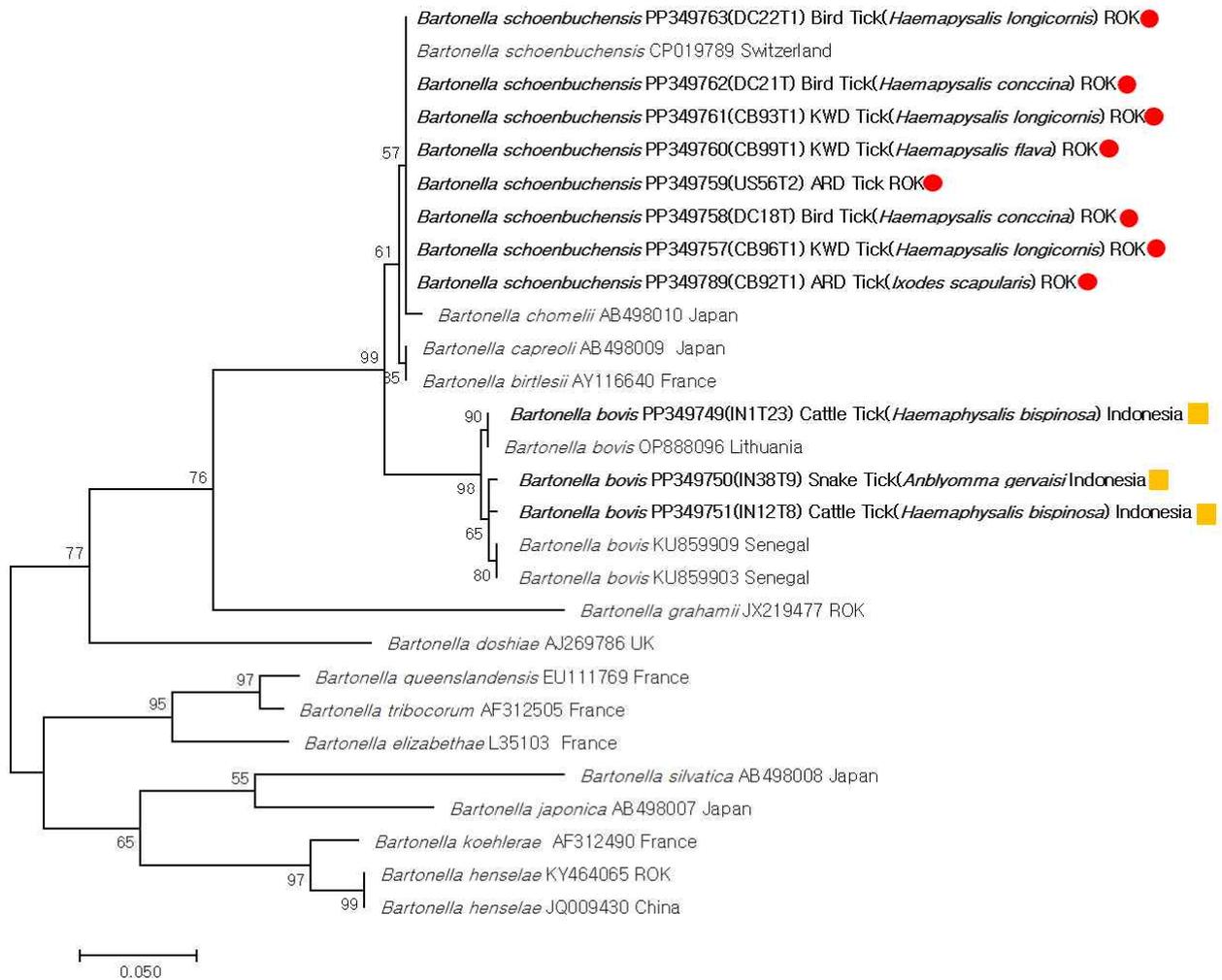


그림 162. 국내 대청도(철새), 충북(고라니, 노루), 울산(노루) 지역과 인도네시아(소)에서 채집된 참진드기에서 *Bartonella* 병원체가 검출된 시료의 계통발생학적 분석 결과. Kwd, Korea water deer(고라니); ARD, Asian roe deer; ROK, Republic of Korea; ●, *Bartonella schoenbuchensis*; ■, *Bartonella bovis*.

○ 참진드기의 병원체 동시감염 조사

① 병원체 동시감염 조사

PCR 검사 결과, 총 14가지 병원체에 대해 동시 감염된 참진드기 수는 다음과 같다(표 110). 병원체에 감염되지 않은 참진드기는 총 1,071마리(국내 354마리, 국외 717마리)이며, 1개 병원체에 감염된 참진드기는 총 162마리(국내 73마리, 국외 89마리)였다. 2개 병원체에 감염된 참진드기는 총 38마리(국내 23마리, 국외 15마리)였으며, 3개 병원체에 동시감염된 참진드기 수는 총 7마리(국내 7마리, 국외 0마리)로 나타났다. 4개 병원체에 동시감염된 참진드기는 국내에서만 1마리였으며, 5개 이상의 병원체에 감염된 참진드기는 발견되지 않았다.

표 110. PCR 검사 결과 병원체에 동시 감염된 참진드기 수

동시감염된 병원체 수	감염된 병원체	참진드기 수		
		국내	국외	합 계
0	RNA 바이러스, DNA 병원체 동시 미검출	171	498	669
	RNA 미검출 미검출	183	219	402
	소계	354	717	1,071
1	SFTSV	2	-	2
	TBEV	-	-	0
	CCHFV	-	- ¹⁾	0
	YZ	-	-	0
	LV	1	-	1
	<i>A. phagocytophilum</i>	19	12	31
	<i>A. bovis</i>	1	2	3
	<i>E. chaffeensis</i>	-	5	5
	<i>E. canis</i>	-	4	4
	<i>Babesia gibsoni</i>	-	-	0
	<i>Borrelia</i> spp.	6	18	24
	<i>Rickettsia</i> spp.	37	35	72
	<i>Bartonella</i> spp.	7	13	20
	<i>Theileria</i> spp.	-	-	0
소 계	73	89	162	
2	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	6	1	7
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. chaffeensis</i>	1	3	4
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. canis</i>	-	2	2
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	1	-	1
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	8	-	8
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Bartonella</i> spp.	3	-	3
	<i>E. canis</i> + <i>Bartonella</i> spp.	-	1	1
	<i>Borrelia</i> spp. + <i>Rickettsia</i> spp.	-	5	5
	<i>Borrelia</i> spp. + <i>Bartonella</i> spp.	-	1	1
	<i>Rickettsia</i> spp. + <i>Bartonella</i> spp.	4	1	5
	<i>Borrelia</i> spp. + CCHFV	-	1	1
소 계	23	15	38	
3	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	2	-	2
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Bartonella</i> spp.	4	-	4
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. chaffeensis</i> + <i>Borrelia</i> spp.	1	-	1
소 계	7	0	7	
4	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>E. canis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	1	-	1
합 계		458	821	1,279

A: *Anaplasma*, E: *Ehrlichia*, -: 미검출

¹⁾ 양성 9개는 추가 실험으로 CCHFV에 대해서만 PCR을 진행하여 집계 되지 않음.

② 2개 이상의 병원체에 동시 감염된 참진드기

참진드기에 감염된 병원체를 검출하기 위한 PCR 검사 결과, 14개의 병원체 중 1개 이상의 병원체에 감염된 참진드기는 1,279마리 중 208마리로, 1개 이상의 병원체 감염율이 16.26%로 조사되었다. 그 중, 2개 이상의 병원체에 동시 감염된 참진드기 수는 46마리로, 3.60%(46/1,279)의 감염률을 보였다.

병원체 2개에 동시 감염된 참진드기 수는 38마리로 2.97%(38/1,279)의 감염률을 보였으며, 동시감염된 병원체 및 참진드기 수집, 동정 정보는 다음과 같다(표 111). *Borrelia* 와 CCHFV의 동시감염이 검출된 참진드기 1마리는 인도네시아의 한 목장에서 2023년 03월 17일에 소로부터 채집되었으며 *Haemaphysalis bispinosa*로 동정되었다. *A. phagocytophilum*과 *A. bovis*에 동시감염이 검출된 참진드기는 7마리 중 6마리가 국내에서 채집된 참진드기로 조사되었으며, 3마리는 경기도, 2마리는 울산광역시, 1마리는 충청북도에서 채집되었다. 주로 포유류(고라니, 노루)에서 수집한 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. 7마리 중 1마리의 참진드기는 2023년 07월 21일에 베트남 호치민의 염소 목장에서 사육하던 염소에서 채집된 흡혈한 약충 *Haemaphysalis bispinosa*로 동정되었다. *A. phagocytophilum* 과 *E. chaffeensis*에 동시감염이 검출된 참진드기는 총 4마리였으며, 1마리는 국내 충청북도의 산 인근 농지에 서식하던 고라니에게서 2022년 10월 27일에 채집되었으며, 흡혈한 성충 암컷 *Haemaphysalis flava*로 동정되었다. 3마리는 파키스탄에서 사육하는 소에게서 채집된 흡혈한 성충 암컷 *Rhipicephalus microplus*로 동정되었다. *A. phagocytophilum* 와 *E. canis*에 동시감염이 검출된 참진드기 2마리(TH63T11, TH66T)는 태국에서 사육하던 소에서 2022년 08월 10일에 채집된 흡혈한 성충 암컷 *Rhipicephalus microplus*로 동정되었다. *A. phagocytophilum* 와 *Borrelia*에 동시감염이 검출된 참진드기 1마리(US84T)는 2023년 06월 19일에 울산광역시 남구에 위치한 아파트 산책로에서 발견된 고라니에게서 채집된 흡혈한 성충 암컷 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. *A. phagocytophilum* 와 *Rickettsia*에 동시감염이 검출된 참진드기 8마리는 모두 국내에서 채집되었으며, 강원도(1마리), 경기 전체(2마리), 울산광역시(4마리), 대청도(1마리) 지역에서 채집되었다. 7마리 중 6마리(GW16T8, GGB9T4, GG7T1, US7T2, US46T, US57T1, US58T1)는 고라니에게서 채집되었으며 *Haemaphysalis longicornis*(4마리) 와 *Haemaphysalis flava*(2마리)로 동정되었다. 이 중 1마리(GGB9T4)는 *Haemaphysalis* 속(genus)까지만 동정되어 종은 미상이다. 대청도 지역에서 채집된 참진드기 1마리(DC30T)는 2023년 05월 09일 초지에서 채집된 흡혈 약충 *Haemaphysalis flava*로 동정되었다. *A. phagocytophilum* 와 *Bartonella*에 동시감염이 검출된 참진드기는 3마리였으며, 2마리(CH92T3, CB99T1)는 충청북도 영동구의 농지에 서식하던 노루와 청주시의 도로에서 발견된 고라니에게서 채집된 흡혈 성충 암컷 참진드기로 동정되었다. 1마리(US56T2)는 울산광역시 도로변에서 발견된 노루에서 2023년 04월 26일에 채집한 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. *E. canis* 와 *Bartonella*에 동시감염이 검출된 참진드기는 1마리(로 조사되어쓰며 2022년 12월 18일 베트남 하노이의 목장에서 사육하던 소에게서 채집한 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Rhipicephalus microplus*로 동정되었다. *Borrelia* 와 *Rickettsia*에 동시감염이 검출된 참진드기는 5마리로 조사되었으며 2마리(IN22T2, IN26T1)은 인도네시아에서 사육하는 뱀으로부터 2023년 02월에 채집한 참진드기 흡혈 성충 암컷 *Amblyomma varanense*와 흡혈 성충 수컷 *Amblyomma gerveisi*로 동정되었다. 3마리(JP14T, JP18T3, JP20T1)은 일본 홋카이도의 숲에서 채집되었으며 박새와 검은지빠귀로부터 채집된 흡혈 약충 참진드기 *Ixodes persulcatus*로 동정되었다. *Borrelia* 와 *Bartonella*에 동시감염이 검출된 참진드기는 1마리(IN38T9)로 조사되었으며 인도네시아에서 2023년 02월 22일에 불왁(Bulwak)에서 채집한 흡혈 성충 암컷 참진드기

*Amblyomma gerveisi*로 동정되었다. *Rickettsia* 와 *Bartonella*에 동시감염이 검출된 참진드기는 5마리로 조사되었으며, 국내에서는 강원도에서 1마리(GW43T17), 충청북도에서 3마리(CB60T6, CB92T1, CB93T1)에서 검출되었으며 고라니와 노루에게서 채집한 참진드기 *Haemaphysalis flava*, *Haemaphysalis longicornis*, *Ixodes scapularis* 에서 검출되었다. 1마리(IN12T8)는 인도네시아의 목장에서 채집되었으며 2023년 02월 25일 소에게서 채집된 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Haemaphysalis bispinosa*로 동정되었다.

병원체 3개에 동시 감염된 참진드기 수는 7마리로, 0.55%(8/1,279)의 감염률을 보였으며 동시감염된 병원체 및 참진드기 수집, 동정 정보는 다음과 같다(표 112). *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *Rickettsia* spp. 병원체가 동시검출된 참진드기는 2마리였으며, 1마리(GG16T8)는 경기도 용인시의 산기슭에서 2023년 06월 05일에 꿩으로부터 채집된 흡혈 약충 참진드기 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. 다른 1마리(US81T1)는 울산광역시 북구 창평동의 도로변에서 2023년 06월 07일에 고라니로부터 채집된 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *Bartonella* spp. 병원체가 동시검출된 참진드기는 총 4마리였으며, 강원지역에서 채집된 1마리 참진드기(GW42T4)는 강원도 화천군의 산에서 2022년 09월 02일 노루로부터 채집되었다. 충북지역에서 채집된 참진드기 2마리(CB96T1, CB99T2)는 채집 시기는 차이가 있으나, 모두 충청북도 청주시 상당구에 서식하던 고라니에게서 채집되었다. 1마리는 울산 울주군의 산기슭에서 서식하던 노루에게서 2022년 10월 26일에 채집되었다. 양성이 검출된 4마리 참진드기 모두 흡혈 성충 암컷 참진드기 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다. *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis*, *Borrelia* spp. 병원체가 동시 검출된 참진드기는 국내 충청북도 영동군의 한 농지에 서식하던 고라니에게서 2022년 10월 29일에 채집된 흡혈 성충 암컷 *Amblyomma testudinarum*으로 동정되었다.

병원체 4개에 동시 감염된 참진드기 수는 1마리로, 0.08%(1/1,279)의 감염률을 보였으며 동시감염된 병원체 및 참진드기 수집, 동정 정보는 다음과 같다(표 113). 1마리 참진드기(US80T1)에서 *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *E. canis*, *Rickettsia* spp. 병원체가 동시 검출되었다. 국내 울산지역 산기슭 및 도로변에서 포획된 고라니에서 2023년 06월 05일에 채집된 참진드기이며, 흡혈한 성충 암컷 *Haemaphysalis longicornis*로 동정되었다.

표 111. 2개 병원체에 동시감염된 참진드기 동정 정보 및 감염 병원체

구분	표본 번호	병원체	채집 지역	채집일	동물 종	진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
국외	IN11T2	<i>Borrelia</i> spp. + CCHFV	인도네시아	2023.03.17.	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	Harjobinangun, Sleman	경작지
	GG3T14		경기도	2022.07.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	안산시 상록구 청곡길 50	들판, 농경지
	GG16T7		경기도	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	용인시 이동읍 서리 1115	산기슭
국내	GG18T1		경기도	2023.06.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	용인시 처인구 이동읍 원천로 11-28	산기슭
	US11T1	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	울산광역시	2022.09.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	X	울주군 두동면 구미리 245-1	저수지, 산기슭
	US12T3		울산광역시	2022.10.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	X	울주군 두동면 구미리 245-1	저수지, 산기슭
	CB97T1		충청북도	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 문의면 미천고은로 141	도로
국외	VC5T4		베트남 호치민	2023.07.21.	염소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	약충	-	○	Tin Farm, Phu Ly, Vinh Cũu District	염소 목장
국내	CB5T5		충청북도	2022.10.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 낭성면 무성리 224	농지, 산 인근
	PK5T1	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. chaffeensis</i>	파키스탄	2023.05.13.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	shaive yajada union council jandwah	숲
국외	PK7T2		파키스탄	2023.03.16.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	Pando pur(Gujranwala)	정보없음
	PK16T2		파키스탄	2023.03.16.	버팔로	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	Jaguwala(Pattoki)	경작지
국외	TH63T11	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. canis</i>	태국	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	Yupapin's Farm / Muak lek, Saraburi	정보없음
	TH66T		태국	2022.08.10.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	Yupapin's Farm / Muak lek, Saraburi	정보없음
국내	US84T	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	울산광역시	2023.06.19.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	X	남구 무거동 927-6	아파트 산책로
	GW16T8		강원도	2022.07.11.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	가평군 실악면 묵안로 123번길 21	농지
국내	GGB9T4	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	경기북부	2022.06.24.	고라니	<i>Haemaphysalis</i> spp.	성충	♀	○	남양주시 화도읍	숲 인접 도로변
	GG7T1		경기도	2023.03.27.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	화성시 남양읍 신남리 326-1	정보없음
	US7T2		울산광역시	2022.08.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울주군 범서읍 서사리 553-2	논밭, 산기슭

	US46T		울산광역시	2023.03.26.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	중구 서동 617	산기슭, 주택가
	US57T1		울산광역시	2023.04.26.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	남구 두왕동 766-6	산책길, 산
	US58T1		울산광역시	2023.05.02.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울주군 웅촌면 대대리 1637-9	주택가
	DC30T		대청도	2023.05.09.	축새	<i>Haemaphysalis flava</i>	약충	-	○	대청도	초지 및 덩굴
	CB92T3		충청북도	2023.05.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	영동군 웅산면 한곡리 252-1	농지
국내	CB99T1	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Bartonella</i> spp.	충청북도	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 금천동 53-3	도로
	US56T2		울산광역시	2023.04.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울주군 삼남읍 교동리 산86-21	도로변, 산
국외	VN12T10	<i>E. canis</i> + <i>Bartonella</i> spp.	베트남 하노이	2022.12.18.	소	<i>Rhipicephalus microplus</i>	성충	♀	○	MinhChâu, MinhChâu, VĩnhTường, Hanoi	목장
	IN22T2		인도네시아	2023.02.21.	뱀	<i>Amblyomma varanense</i>	성충	♀	○	Ngawen, Klaten	정보없음
	IN26T1		인도네시아	2023.02.22.	뱀	<i>Amblyomma gerveisi</i>	성충	♂	○	Wirobrajan, Yogyakarta	정보없음
국외	JP14T	<i>Borrelia</i> spp. + <i>Rickettsia</i> spp.	일본	2023.02.14.	박새	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	정보없음
	JP18T3		일본	2023.05.03.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
	JP20T1		일본	2023.05.13.	검은지빠귀	<i>Ixodes persulcatus</i>	약충	-	○	일본 홋카이도	숲
국외	IN38T9	<i>Borrelia</i> spp. + <i>Bartonella</i> spp.	인도네시아	2023.02.22.	불왁	<i>Amblyomma gerveisi</i>	성충	♀	○	Serang city	정보없음
	GW43T17		강원도	2022.09.08.	노루	<i>Ixodes</i> spp.	약충	-	○	태백시 함백산	산
	CB60T6		충청북도	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis flava</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 금천동 53-3	주택가
국내	CB92T1	<i>Rickettsia</i> spp. + <i>Bartonella</i> spp.	충청북도	2023.05.02.	노루	<i>Ixodes scapularis</i>	성충	♀	○	영동군 웅산면 한곡리 252-1	농지
	CB93T1		충청북도	2023.05.13.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♂	X	청주시 상당구 미원면 대신리 산 5-1	산 속 도로
국외	IN12T8		인도네시아	2023.02.25.	소	<i>Haemaphysalis bispinosa</i>	성충	♀	○	Harjobinangun, Sleman	목장

A, *Anaplasma*; *E*, *Ehrlichia*; -, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

표 112. 3개 병원체에 동시감염된 참진드기 동정 정보 및 감염 병원체

구분	표본 번호	병원체	채집 지역	채집일	동물 종	진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
국내	GG16T8	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	경기도	2023.06.05.	꿩	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	약충	-	○	용인시 이동읍 서리 1115	산기슭
	US81T1		울산광역시	2023.06.07.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	북구 창평동 1149-3	산기슭, 도로변
국내	GW42T4	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Bartonella</i> spp.	강원도	2022.09.02.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	화천군 상서면 신대리	산
	CB96T1		충청북도	2023.06.06.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 낭성면 인경리 131	도로
	CB99T2		충청북도	2023.04.25.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	청주시 상당구 금천동 53-3	도로
	US21T2		울산광역시	2022.10.26.	노루	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울주군 범서읍 천상리 773-1	산기슭, 인가
국내	CB1T5	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>E. chaffeensis</i> + <i>Borrelia</i> spp	충청북도	2022.10.29.	고라니	<i>Amblyomma testudinarium</i>	성충	♀	○	영동군 황간면 마산리	농지, 산 인근 도로

A, *Anaplasma*; *E*, *Ehrlichia*; -, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

표 113. 4개 병원체에 동시감염된 참진드기 동정 정보 및 감염 병원체

구분	표본 번호	병원체	채집 지역	채집일	동물 종	진드기 종	발육 단계	성별	흡혈 상태	동물 서식지	서식지 특성
국내	US80T1	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>E. canis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	울산광역시	2023.06.05.	고라니	<i>Haemaphysalis longicornis</i>	성충	♀	○	울주군 언양읍 작동리 445-34	산기슭, 도로변

A, *Anaplasma*; *E*, *Ehrlichia*; -, 미해당; ♀, 암컷; ♂, 수컷.

○ PCR을 통해 병원체가 검출된 참진드기의 숙주동물별 분류

PCR을 통해 병원체가 검출된 참진드기의 검출수를 지역·숙주동물별로 분류하였다(그림 166-168).

① RNA 바이러스

참진드기 1,279마리에 대해 RNA 바이러스 검사를 진행한 결과, 5개 바이러스(SFTSV, TBEV, CCHFV, YV, LV)에 대해 SFTSV, LV, CCHFV에서만 양성이 검출되었다. SFTS 바이러스는 조류, Langya 바이러스와 CCHF 바이러스는 포유류에서 채집된 참진드기에서 양성이 확인되었다. SFTS 바이러스는 충청도에서 포획된 족새와 흑산도에서 포획된 흰둥새에서 채집된 참진드기 2마리에서 양성이 확인되었다(그림 166). Langya 바이러스는 강원지역에 서식하던 고라니에게서 채집된 참진드기 1마리에서 양성이 검출되었다(그림 167). CCHF 바이러스는 인도네시아의 목장에서 사육하던 소에서 채집한 참진드기 10마리에서 검출되었다(그림 168).

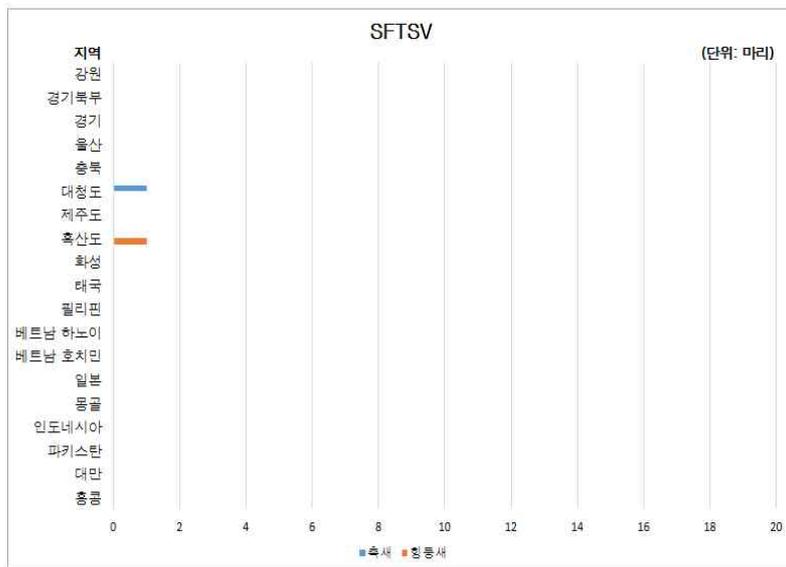


그림 166. SFTSV가 검출된 참진드기의 숙주동물별 분류.

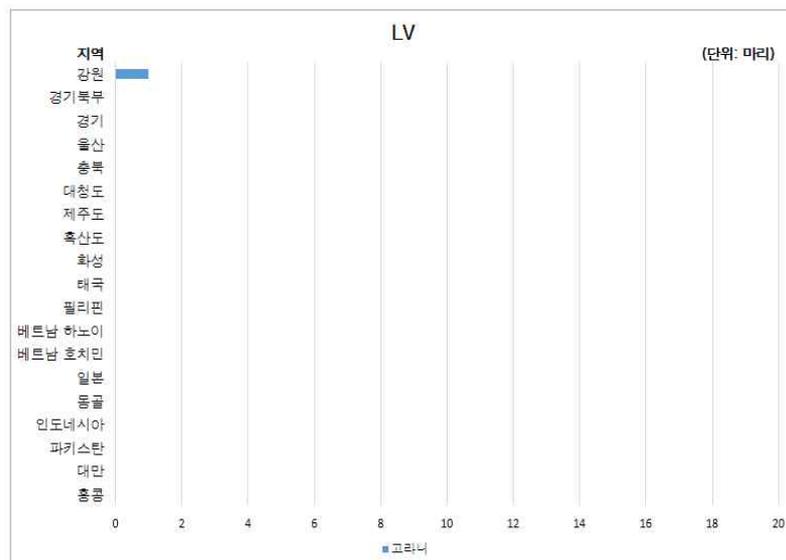


그림 167. LV가 검출된 참진드기의 숙주동물별 분류.

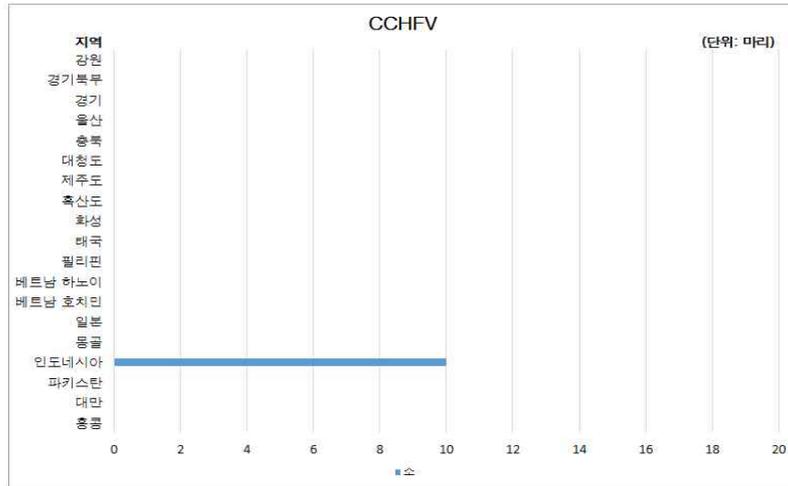


그림 168. CCHFV가 검출된 참진드기의 숙주동물별 분류.

② DNA 병원체

참진드기 876마리에 대해 PCR을 통해 9개 DNA 병원체에 대한 검사를 진행한 결과, 7개 병원체 *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *E. chaffeensis*, *E. canis*, *Borrelia*, *Rickettsia*, *Bartonella* 에서 양성이 검출되었다(그림 169). *Babesia gibsoni*와 *Theileria*에 대해서는 양성이 검출되지 않았다.

*A. phagocytophilum*은 11개 지역(강원, 경기, 울산, 충북, 충청도, 태국, 필리핀, 베트남 하노이, 베트남 호치민, 인도네시아 파키스탄)에서 채집된 참진드기로부터 검출되었다. 숙주동물 중 포유류로는 고라니, 노루, 너구리, 소, 개, 염소, 양에서 참진드기를 채집하였으며, 조류 중에서는 철새에 속하는 족새와 텃새에 속하는 꿩에서 검출되었다.

*A. bovis*는 6개 지역(강원, 경기, 울산, 충북, 베트남 호치민, 인도네시아)에서 채집된 참진드기로부터 검출되었다. 숙주동물 중 포유류로는 고라니, 노루, 염소, 양에서 참진드기가 채집되었으며, 조류중에서는 텃새에 속하는 꿩에서 채집되었다.

*E. chaffeensis*는 2개 지역(충북, 파키스탄)에서 채집된 참진드기에서 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기의 숙주동물은 모두 포유류에 속하는 고라니, 소, 개로 조사되었다.

*E. canis*는 4개 지역(울산, 태국, 필리핀, 베트남 하노이)에서 채집된 참진드기에서 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기의 숙주동물은 포유류인 고라니, 소, 개로 조사되었다. 태국에서 채집된 1마리 참진드기는 플래깅(flagging)으로 채집되어 기타로 분류하였다.

*Borrelia*는 9개지역(경기, 울산, 충북, 흑산도, 필리핀, 베트남 호치민, 일본, 인도네시아, 파키스탄)에서 채집된 참진드기에서 검출되었으며, 채집된 참진드기의 숙주동물 중 포유류는 고라니, 너구리, 소, 염소로 조사되었고, 파충류는 뱀, 조류는 텃새로 분류되는 꿩을 제외하고 모두 철새인 박새, 섬족새, 검은지빠귀, 흰배지빠귀로 조사되었다. 특히 인도네시아에서 사육하는 뱀에서 채집된 참진드기에서 *Borrelia* 병원체의 양성 검출률이 가장 높았다.

*Rickettsia*는 12개 지역(강원, 경기북부, 경기, 울산, 충북, 충청도, 흑산도, 베트남 하노이, 일본, 몽골, 인도네시아, 대만)에서 검출되었으며, PCR 검사를 진행한 DNA 병원체 중, 가장 많은 지역에서 검출되었으며, 양성이 검출된 참진드기수도 가장 높게 나타났다. 참진드기가 채집된 숙주동물 중 포유류에 속하는 동물은 고라니, 노루, 너구리, 소, 개 5종인 것으로 확인되었으며, 파충류로는 뱀, 물왕도마뱀 2종으로 확인되었다. 조류 중 철새는 12종(박새, 족새, 섬

축새, 쇠유리새, 솔새사촌, 쇠개개비, 되지빠귀, 검은지빠귀, 호랑지빠귀, 흰배멧새, 검은멧새, 쇠붉은뺨멧새)이 확인되었으며, 텃새는 6종(괭, 수리부엉이, 참매, 집비둘기, 까치, 솔부엉이)으로 조사되었다. *Rickettsia* 양성이 검출된 12개 지역 중, 특히 울산지역에서 *Rickettsia* 양성이 검출된 참진드기가 18마리로 가장 많았으며, 주로 고라니에서 채집된 참진드기(9마리)로 조사되었다.

*Bartonella*는 9개 지역(강원, 울산, 충북, 태국, 필리핀, 베트남, 하노이, 베트남, 호치민, 인도네시아)에서 채집된 참진드기에서 양성이 검출되었다. 숙주동물 중 포유류에 해당하는 동물로는 고라니, 노루, 소, 개, 염소, 양이 확인되었으며, 파충류는 물왕도마뱀, 조류는 철새 3종(되지빠귀, 흰배지빠귀, 쇠붉은뺨멧새)인 것으로 조사되었다. *Bartonella* 양성이 검출된 참진드기 중 필리핀에서 채집된 1마리 참진드기는 필리핀의 현지 협력 연구진에게 공유받은 시료로서, 숙주동물의 정보가 미상으로서 불명으로 표기하였다.

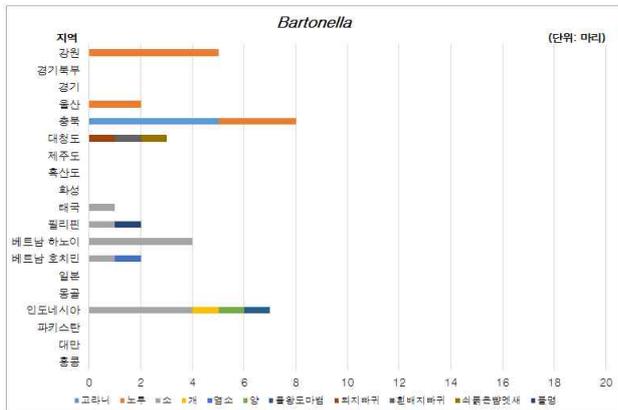
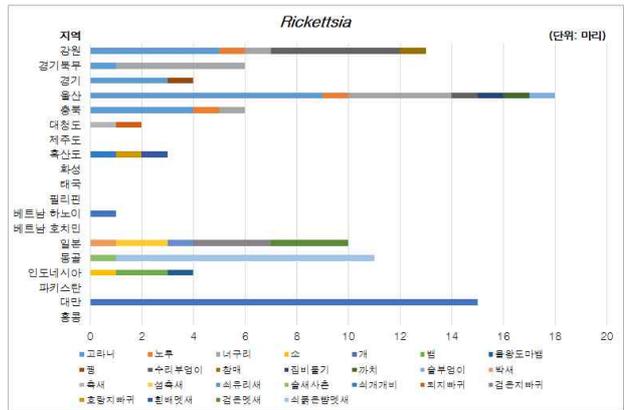
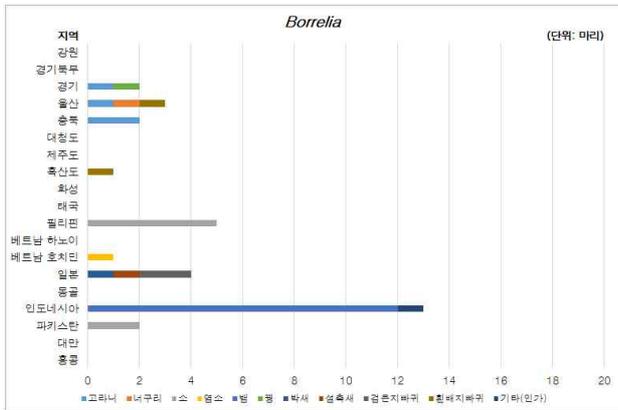
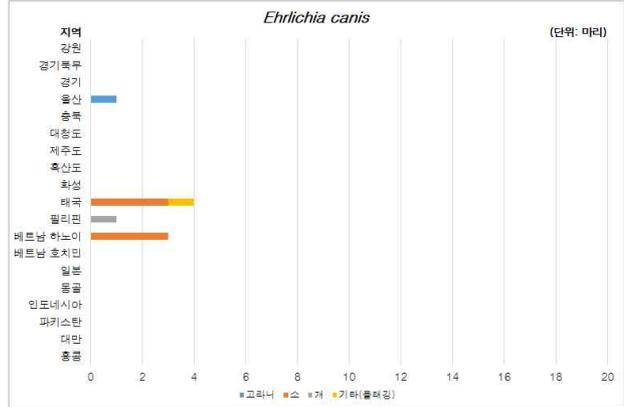
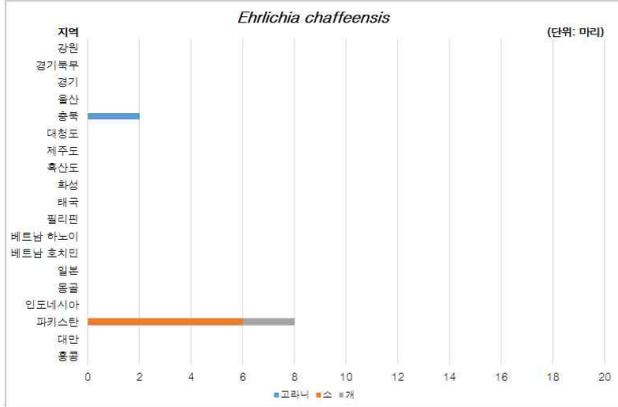
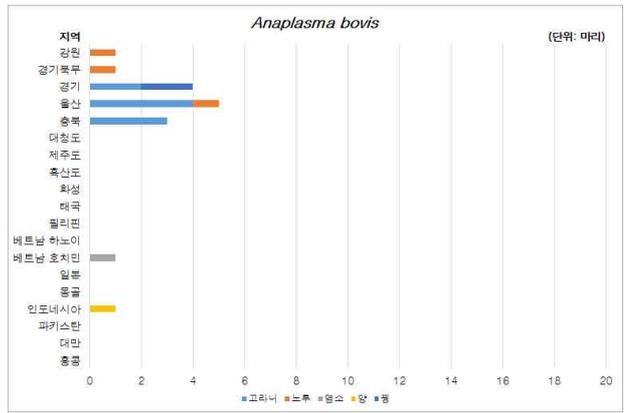
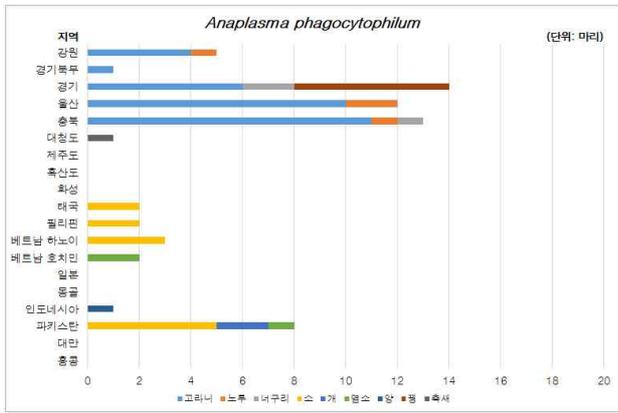


그림 169. DNA 병원체가 검출된 참진드기의 숙주동물별 분류.

○ 연구 종료 이후 참진드기 보유 현황

본 연구를 통해 채집된 참진드기수는 총 6,790마리이며 국내 지역에서 1,568마리, 국외에서 5,222마리를 확보하였다. 이 중, 참진드기가 보유한 병원체 진단을 위해 실험에 사용된 참진드기 수는 총 1,467마리(전체 참진드기수의 21.6%)이며 국내 515마리, 국외 952마리가 사용되었다. 연구 진행 중 효율적인 RNA 및 DNA 추출을 위한 예비실험에 122마리(국내 48마리, 국외 74마리) 참진드기를 사용하였으며, PCR을 이용한 병원체 검출을 위한 본 실험에 1,279마리(국내 458마리, 국외 821마리) 참진드기를 사용하였다. 양성 RNA 바이러스가 검출된 참진드기에서 추가 양성 검출을 확인하기 위해, 동일 숙주에서 채집한 참진드기에 대해 PCR을 진행한 추가 실험에 총 66마리(국내 9마리, 국외 57마리) 참진드기를 사용하였다. 연구 종료 기준 총 5,323마리의 참진드기를 초저온 냉동고에 보관 중이며, 국내 1,053마리, 국외 4,270마리의 참진드기를 보관중이다. 보관중인 참진드기는 추후 연구에 이용할 예정이다 (표 114).

표 114. 참진드기 채집 및 사용 현황 (단위: 마리)

구 분	채집된 참진드기	사용된 참진드기			보유중인 참진드기
		예비실험	본실험	추가실험	
국 내	1,568	48	458	9 ¹⁾	1,053
국 외	5,222	74	821	57 ²⁾	4,270
합 계	6,790		1,467		5,323

1) LV 양성검출 참진드기와 같은 숙주동물에서 채집된 참진드기에 대한 추가 PCR검사 9건

2) CCHFV 양성검출 참진드기와 같은 숙주동물에서 채집된 참진드기에 대한 추가 PCR검사 57건

- 혈액, 비장 분석 결과

국내 야생동물센터로부터 구조된 야생동물의 혈액과 비장을 대상으로 진행한 Nested-PCR 검사를 진행한 결과는 다음과 같다 (표 115). 혈액은 280개, 비장은 96개로 376개의 샘플로 총 5,264건의 PCR 검사를 진행하였다. RNA 바이러스의 경우 SFTSV에서 혈액 5개, 비장 1개로 총 6개의 양성 수, 1.6% (6/376)의 양성률이 검출되었다. DNA 병원체의 경우 *Anaplasma phagocytophilum* 에서 혈액 118개, 비장 28개로 38.9% (146/376)의 양성률, *A. bovis*는 혈액 52개, 비장 3개로 14.6% (53/376)의 양성률을 보였다. *Borrelia* spp. 는 혈액 44개, 비장 1개로 12% (45/376)의 양성률을, *Rickettsia* spp. 는 혈액 12개로 5.1% (19/376)의 양성률 그리고 *Bartonella* spp. 는 혈액 11개, 비장 1개로 3.2% (12/376)의 양성률이 검출되었다.

표 115. 국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액 및 비장에 대한 RNA 바이러스와 DNA 병원체 전체 PCR 결과

PCR 결과	혈액			비장			합계			
	병원체	검사수	양성수	양성률(%)	검사수	양성수	양성률(%)	검사수	양성수	양성률(%)
RNA	SFTSV	280	5	1.8	96	1	1.0	376	6	1.6
	CCHFV	280	0	0.0	96	0	0.0	376	0	0.0
	TBEV	280	0	0.0	96	0	0.0	376	0	0.0
	YezoV	280	0	0.0	96	0	0.0	376	0	0.0
	LangyaV	280	0	0.0	96	0	0.0	376	0	0.0
DNA	<i>A. phagocytophilum</i>	280	118	42.1	96	28	29.2	376	146	38.9
	<i>A. bovis</i>	280	52	18.6	96	3	3.1	376	55	14.6
	<i>E. chaffeensis</i>	280	0	0.0	96	0	0	376	0	0.0
	<i>E. canis</i>	280	0	0.0	96	0	0	376	0	0.0
	<i>B. gibsoni</i>	280	0	0.0	96	0	0	376	0	0.0
	<i>Borrelia</i> spp.	280	44	15.7	96	1	1.0	376	45	12.0
	<i>Rickettsia</i> spp.	280	12	6.8	96	0	0	376	12	3.2
	<i>Bartonella</i> spp.	280	11	1.4	96	1	0	376	12	3.2
	<i>Theileria</i> spp.	280	0	0.0	96	0	0	376	0	0.0

국내 야생동물센터에서 수령한 샘플 중 한 동물에서 혈액과 비장 모두 채취한 다음과 같다 (표 116). 충북센터를 제외하고 나머지 센터의 샘플에서는 혈액, 비장 모두 채취한 샘플은 없었다.

표 116. 야생동물센터에서 수령한 샘플 중 단일동물에서 혈액, 비장 모두 채취한 샘플 목록

표본 번호	동물 종	특이소견	시료 채취 시기	동물 서식지	서식지 특성
CB2B, CB2S	고라니	교통사고, 종족골 골절 및 탈구, 안락사	내원 직후	충청북도 청주시 상당구 목련로 236	산 인근 도로
CB5B, CB5S	고라니	교통사고, 종족골 탈구, 안락사	폐사 직후	충북 청주시 상당구 낭성면 무성리 224	농지, 산 인근 도로
CB7B, CB7S	고라니	교통사고, 척추골절, 안락사	폐사 직후	충북 청주시 서원구 남이면 가마리 13-10	하천 인근 도로
CB18B, CB18S	고라니	그물에 걸림, 횡문근융해증, 안락사	내원 직후	충북 청주시 상당구 문의면 도원리 647-7	농지
CB27B, CB27S	삵	고관절 탈구, 파행, 안락사	안락사 직전	충북 음성군 음성읍 동음리 525-1	골프장
CB36B, CB36S	고라니	교통사고, 척추골절, 안락사	안락사 직전	충북 청주시 흥덕구 봉명동 2893	도로
CB42B, CB42S	고라니	중수골 골절, 안락사	안락사 직전	충청북도 청주시 청원구 울량로 103	주택가, 아파트, 주차장
CB52B, CB52S	고라니	교통사고, 천추 탈구, 안락사	안락사 직전	충청북도 청주시 상당구 미원면 인경수산로 140	산 속 도로
CB63B, CB63S	고라니	교통사고, 천적공격, 관골 골절, 경비골 골절, 안락사	안락사 직전	충청북도 청주시 흥덕구 강내면 다락태성길 3	교외의 철강회사 내부

CB65B, CB65S	고라니	흉추탈구, 두부외상, 안락사	안락사 직전	충북 청주시 흥덕구 오송읍 봉산리 1561	도로
CB66B, CB66S	까치	충돌 추정, 협조불능, 안락사	안락사 직전	충청북도 청주시 흥덕구 직지대로307번길 115	도로
CB67B, CB67S	고라니	안구파열, 안구진탕, 두부외상, 안락사	안락사 직후	충북 청주시 청원구 내수읍 원통리 256-1	도로
CB76B, CB76S	고라니	교통사고, 오른쪽 경골 개방골절, 왼쪽 대퇴골 원위부 폐쇄골절, 안락사	안락사 당일	충북 청주시 상당구 명암동 산 34	도로
CB80B, CB80S	고라니	교통사고, 부척골 골절, 안락사	안락사 1일 후	충북 청주시 상당구 석교동 130-4	주택가 근처 하천
CB89B, CB89S	고라니	교통사고, 요추탈구, 안락사	안락사 당일	충북 청주시 서원구 남이면 석판리 13-9	산 옆 도로
CB90B, CB90S	왜가리	교통사고, 골반골절, 흉골골절, 안락사	안락사 당일	충북 청주시 서원구 장암동 470-7	도로
CB93B, CB93S	고라니	교통사고, 척추골절, 안락사	안락사 직전	충북 청주시 상당구 미원면 대신리 산 5-1	산 속 도로

○ RNA 바이러스

국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액, 비장 샘플에 대한 RNA 바이러스의 Nested-PCR 결과는 다음과 같다(표 117-118). 확보된 혈액 샘플 중에서 중복되는 샘플은 제외하였으며 비장의 경우 크기가 작은 샘플은 제외하고 실험을 진행하였다. PCR이 진행된 샘플 개수는 혈액의 경우 강원도 1개, 경기북부 12개, 경기도 1개, 울산 93개, 충청북도 119개, 을숙도 54개로 총 280개이다. 비장의 경우 샘플 미확보 지역인 경기도와 을숙도를 제외하고, 강원도 12개, 경기북부 2개, 울산 33개, 충청북도 49개로 총 96개이다.

표 117. 국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액 샘플에 대한 RNA 바이러스 PCR 결과

병원체	강원			경기 북부			경기			울산			충청북도			을숙도			합계		
	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
SFTSV	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	93	0	0.0	119	4	3.4	54	1	1.9	280	5	1.8
CCHFV	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	93	0	0.0	119	0	0.0	54	0	0.0	280	0	0.0
TBEV	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	93	0	0.0	119	0	0.0	54	0	0.0	280	0	0.0
YezoV	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	93	0	0.0	119	0	0.0	54	0	0.0	280	0	0.0
LangyaV	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	93	0	0.0	119	0	0.0	54	0	0.0	280	0	0.0

표 118. 국내 야생동물센터로부터 수집된 비장 샘플에 대한 RNA 바이러스 PCR 결과

병원체	강원			경기 북부			울산			충청북도			합계		
	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
SFTSV	12	0	0	2	0	0	33	0	0	49	1	2.0	96	1	1.0
CCHFV	12	0	0	2	0	0	33	0	0	49	0	0	96	0	0.0
TBEV	12	0	0	2	0	0	33	0	0	49	0	0	96	0	0.0
YezoV	12	0	0	2	0	0	33	0	0	49	0	0	96	0	0.0
LangyaV	12	0	0	2	0	0	33	0	0	49	0	0	96	0	0.0

○ RNA 바이러스 양성 검출 혈액, 비장 분석

RNA 바이러스 양성이 검출된 혈액, 비장 샘플 정보 및 병원체 유전자 분석 결과 국내 야생동물센

터에서 수령한 376개의 샘플 중 Nested-PCR을 통해 확인된 SFTSV의 양성 샘플의 세부적인 정보는 다음과 같다(표 119).

표 119. SFTSV 양성 혈액 및 비장 샘플 세부 내용

구분	표본 번호	채취 시기	동물 종	특이조건	동물 서식지	서식지 특성
혈액	CB22B1	2022-11-15 안락사 직전	고라니	척추골절, 안락사	충북 음성군 금왕읍 내송리 산 61-1	산속 도로
혈액	BS25B	2022-09-28	고라니	-	부산 기장군 철마면 이곡리 31	-
비장	CB7S	2022-10-20 폐사 직후	고라니	교통사고, 척추골절, 안락사	충북 청주시 서원구 남이면 가마리 13-10	하천 인근 도로

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 346bp에서 SFTS 바이러스 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

1) CB22B1(346bp)

```
>ACAAGATCGTCAAGGCATCAGGGAAAATGTCAAACCTCAGGGTCTAAGAGGTTGATGGCACTTC
AAGAGAAAATATGGACTGGTTGAGAGGGGCAGAAACCAGGCTCTCAATCACTCCTGTGAGGGTAG
CACAGAGCCTTCCCCTTGGACATGCGCTGCAGCAGCAGCCTTAAAGGAGTATCTCCCAGTGG
GCCAGCTGTCATGAACCTGAAAGTTCGAGAATTACCCCCAGAGATGATGTGCATGGCCTTTGG
TCTCTGATTCCAACCTGCAGGGGTATCAGAAGCCACAACGAAGACCCTGATGGAGGCCTACTCTC
TGTGGCAAGATGCCTTCACCCAAGACTA
```

2) BS25B(346bp)

```
>AATAAGATCGTCAAGGCATCAGGGAAAATGTGCGAACTCAGGGTCTAAGAGGTTGATGGCTCTC
CAAGAGAAGTATGGGCTGGTTGAGAGGGGCAGAAACCAGGCTCTCAATCACTCCTGTAAGGGTG
GCACAGAGCCTTCCCCTTGGACATGTGCTGCAGCAGCAGCCTTAAAGGAGTATCTCCCAGTA
GGGCCAGCTGTCATGAACCTGAAGGTTGAGAATTATCCCCAGAGATGATGTGCATGGCCTTTG
GGTCCCTGATTCCAACCTGCGGGGGTATCAGAAGCCACTACGAAGACCCTGATGGAGGCCTACT
CTCTGTGGCAAGATGCCTTCACCCAAGACTA
```

3) CB7S(346bp)

```
>AATAAGATCGTCAAGGCATCAGGGAAAATGTCAAACCTCAGGGTCTAAGAGGTTGATGGCACTT
CAAGAGAAAATATGGACTGGTTGAGAGGGGCAGAAACCAGGCTCTCAATCACTCCTGTGAGGGTA
GCACAGAGCCTTCCCCTTGGACGTGCGCTGCAGCAGCAGCCTTAAAGGAGTATCTCCCAGTG
GGCCCAGCTGTCATGAACCTGAAGGTCGAAAATTACCCCCAGAGATGATGTGCATGGCCTTTG
GGTCTCTGATTCCAACCTGCAGGGGTATCAGAAGCCACAACGAAGACCCTGATGGAGGCCTACT
CTCTGTGGCAAGATGCCTTCACCCAAGACTA
```

② 병원체 유전자 계통분석을 통한 유전자형 파악

SFTSV 양성 검출 샘플의 유전자 형이 어느 군집에 속하는지 파악하기 위해 검출된 혈액, 비장의 유전자 서열과 NCBI 데이터베이스에 등록된 SFTSV S segment들을 모아 분석하였다. 충북 센터에서 수령한 혈액, 비장 샘플은 SFTS 바이러스의 sub-genotype B-3, 을숙도 센터에서 수령한 혈액 샘플은 genotype B-1로 확인되었다. SFTSV 양성 검출 동물은 모두 고라니로 확인되었다(그림 170).

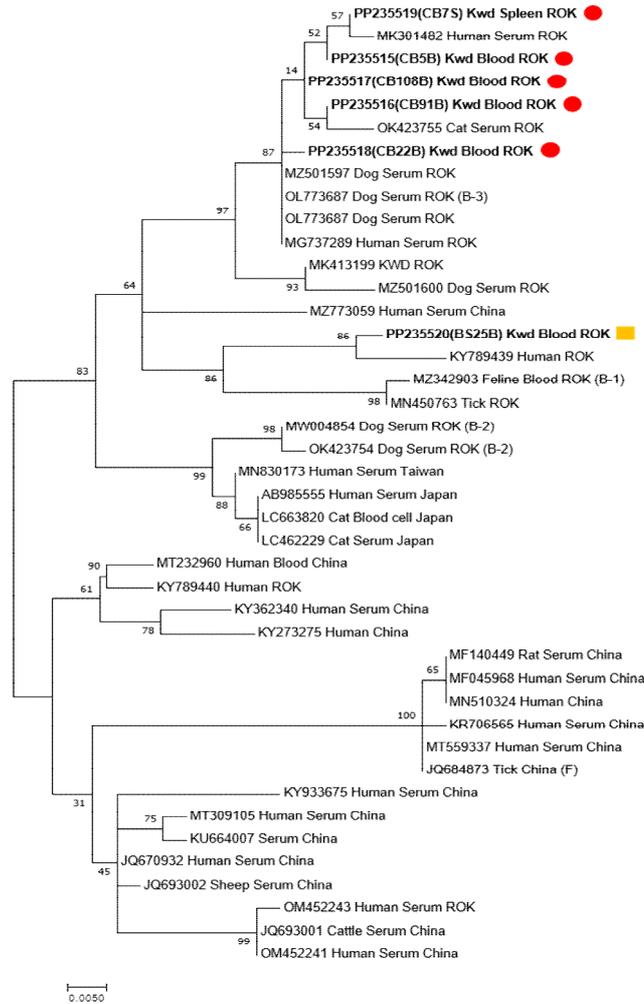


그림 170. 충북, 을숙도 야생동물센터에서 구조된 고라니의 혈액과 비장에서 SFTSV가 검출된 샘플의 계통 발생학적 분석 결과. Kwd, Korea water deer(고라니); ROK, Republic of Korea; ●, SFTSV sub-genotype B-3; ■, SFTSV sub-genotype B-1.

○ DNA 병원체

국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액, 비장 샘플에 대한 DNA 병원체의 RT-PCR과 Nested-PCR 결과는 다음과 같다(표 120-121). PCR이 진행된 샘플 개수는 RNA 바이러스와 동일하다. 혈액의 경우 강원도 1개, 경기북부 12개, 경기도 1개, 울산 93개, 충청북도 119개, 을숙도 54개로 총 280개이다. 비장의 경우 샘플 미확보 지역인 경기도와 을숙도를 제외하고, 강원도 12개, 경기북부 2개, 울산 33개, 충청북도 49개로 총 96개이다.

표 120. 국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액 샘플에 대한 DNA 병원체 PCR 결과

병원체	강원			경기 북부			경기			충청북도			을숙도			합계		
	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
<i>A. phagocytophilum</i>	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	70	58.8	54	14	25.9	280	118	42.1
<i>A. bovis</i>	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	29	24.4	54	6	11.1	280	52	19.0
<i>E. chaffeensis</i>	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	0	0	54	0	0	280	0	0.0
<i>E. canis</i>	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	0	0	54	0	0	280	0	0.0
<i>B. gibsoni</i>	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	0	0	54	0	0	280	0	0.0
<i>Borrelia</i> spp.	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	26	21.9	54	6	11.1	280	44	15.7
<i>Rickettsia</i> spp.	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	10	8.4	54	1	1.9	280	19	6.8
<i>Bartonella</i> spp.	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	2	1.7	54	0	0	280	4	1.4
<i>Theilaria</i> spp.	1	0	0.0	12	0	0.0	1	0	0.0	119	0	0	54	0	0	280	0	0.0

표 121. 국내 야생동물센터로부터 수집된 비장 샘플에 대한 DNA 병원체 PCR 검사 결과

병원체	강원			경기북부			울산			충청북도			합계		
	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)	검사수	양성수	양성률 (%)
<i>A. phagocytophilum</i>	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	28	57.1	96	28	29.2
<i>A. bovis</i>	12	0	0.0	2	0	0.0	33	1	3.0	49	2	4.1	96	3	3.1
<i>E. chaffeensis</i>	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0
<i>E. canis</i>	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0
<i>B. gibsoni</i>	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0
<i>Borrelia</i> spp.	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	1	0	96	1	0.0
<i>Rickettsia</i> spp.	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0
<i>Bartonella</i> spp.	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0
<i>Theilaria</i> spp.	12	0	0.0	2	0	0.0	33	0	0.0	49	0	0	96	0	0.0

① DNA 병원체 양성이 검출된 혈액, 비장 샘플 정보 및 병원체 유전자 분석 결과

가) *Anaplasma phagocytophilum*

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액, 비장의 샘플에 대해 Nested-PCR를 통해 확인된 *Anaplasma phagocytophilum* 양성 샘플의 세부적인 정보는 다음과 같다 (표 122).

표 122. *Anaplasma phagocytophilum* 양성 검출 샘플 세부 사항

구분	표본 번호	채취 시기	동물 종	특이소견	동물 서식지	서식지 특성
혈액	GGB4B	2022-06-24	고라니	교통사고	경기도 남양주시 화도읍	도로변
비장	CB4S	2022-10-28 폐사 반나절 이후	고라니	교통사고	충북 청주시 서원구 현도면 죽전리 574-3	농지 인근 도로

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 926 bp에서 *A. phagocytophilum* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

>GGB4B(926bp)

```
GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTATAAAGAATAGTTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGC
ATAGGAATCTACCTAGTAGTATAGGATAGCCACTAGAAAGTGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTG
CGGGGGAAAGATTTATCGCTACATGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAATGG
CCTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCC
AGCTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAAACCTCTTTCAGTAGGGAAGATAATG
ACGGTACCCACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGG
GCAAGCGTTGTTCCGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTCCGTAAGTTAAAGGTGA
AATGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGGGAGAGGATA
GCGGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCG
GCTATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACC
CTGGTAGTCCACGCTGTAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCTCTGTGTTGAAGCT
AACGCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTCAAAGGAATTGACGG
GGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAAAACCTTACCACTC
CTTGACATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG
```

>CB4S(926bp)

```
GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGCTATAAAGAATAGTTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGC
ATAGGAATCTACCTAGTAGTATGGGATAGCCACTAGAAATGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTG
CGGGGGAAAGATTTATCGCTATTAGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAATGGC
CTACCAAGGCAGTGATCTATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGAGATACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAG
```

CTATGCCGCGTGAGTGAGGAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTAGGGAAGATAATGAC
 GGTACCTACAGAAGAAGTCCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGC
 AAGCGTTGTTGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCATGTAGGCGGTTCCGTAAGTTAAAGGTGAAA
 TGCCAGGGCTTAACCCTGGAGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTAGAGACCGGGAGAGGATAGC
 GGAATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCT
 ATCTGGTCCGGTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTG
 GTAGTCCACGCTGTAAACGATGAGTGCTGAATGTGGGGATATTTTATCTCTGTGTTGAAGCTAAC
 GCGTTAAGCACTCCGCCTGGGGACTACGGTCGCAAGACTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGA
 CCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGATGCAACGCGAAAAACCTTACCACTCCTTA
 CATGGAGATTAGATCCTTCTTAACGGAAGGG

나) *Anaplasma bovis*

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액, 비장의 샘플에 대해 Nested-PCR를 통해 확인된 *Anaplasma bovis* 양성 샘플의 세부적인 정보는 다음과 같다 (표 123).

표 123. *Anaplasma bovis* 양성 검출 샘플 세부 사항

구분	표본 번호	채취 시기	동물 종	특이조건	동물 서식지	서식지 특성
혈액	BS30B	2022-05-31	고라니	정보 없음	부산 해운대구 해운대로 469-110	정보 없음
비장	CB76S	2023-03-01 인락사 당일	고라니	교통사고, 오른쪽 경골 개방골절, 왼쪽 대퇴골 원위부 폐쇄골절, 안락사	충북 청주시 상당구 명암동 산 34	도로

PCR 산물으로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 547 bp에서 *A. bovis* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

>BS30B(547bp)

TAGCTTGCTATGGGGACAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTACCTAGTAGT
 ATAGGATAGCCACTAGAAGTGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTGCGGGGGAAAGATTTATCGC
 TACATGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCAGTGATCTA
 TAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
 GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAG
 GAAGGCCTTAGGGTTGTAAACTCTTTCAGTGGGGAAGATAATGACGGTACCCACAGAAGAAGT
 CCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTAT
 TGGGCGTAAAGGGCATGTAGGTGGTTTGGTAAGTTAAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGG
 AGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTGGAGTCCGGGAGA

>CB76S(547bp)

TAGCTTGCTATGGGGACAATTAGTGGCAGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTACCTAGTAGT
 ATAGGATAGCCACTAGAAGTGGTGGGTAATACTGTATAATCCCTGCGGGGGAAAGATTTATCGC

TACATGATGAGCCTATGTTAGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCAGTGATCTA
 TAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTGGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
 GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCTATGCCGCGTGAGTGAG
 GAAGGCCTTAGGGTTGTAATACTCTTTCAGTGGGGAAGATAATGACGGTACCCACAGAAGAAGT
 CCCGGCAAACCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGGGCAAGCGTTGTTTCGGAATTAT
 TGGGCGTAAAGGGCATGTAGGTGGTTTGGTAAGTTAAAGGTGAAATGCCAGGGCTTAACCCTGG
 AGCTGCTTTTAATACTGCCAGACTGGAGTCCGGGAGA

다) *Borrelia*

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액, 비장의 샘플에 대해 Nested-PCR를 통해 확인된 *Borrelia* spp. 양성 샘플의 세부적인 정보는 다음과 같다 (표 124).

표 124. *Borrelia* spp. 양성 검출 샘플 세부 사항

구분	표본 번호	채취 시기	동물 종	특이소견	동물 서식지	서식지 특성
혈액	US15B1	2022-09-06 인수 직후	고라니	기립불능, 진전	울산광역시 중구 병영1동 467-24	주택가

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 705 bp에서 *Borrelia* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

>US15B1(*Borrelia theileri*, 705bp)

GCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCTGACGGAGCGACACTGCGTGAACGAAGAAGG
 TCGAAAGATTGTAAAGTTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTGATGAC
 GTTAGTTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAAGGGGCGA
 GCGTTGTTTCGGGATCATTGGGCGTAAAGGGTGAGTAGGCGGATATGTAAGTCTATGTGTAATAA
 ACCACAGCTCAACTGTGGAAGTATGCTAGAAACTGCATGACTAGAGTCTGATAGGGGAAGTTAG
 AATTCCTGGTGTAAAGGGTGAATCTGTTGATATCAGGAAGAATACCAGAGGCGAAGGCGAACTT
 CTAGGTCAAGACTGACGCTGAGTCACGAAAGCGTAGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGT
 AGTCTACGCTGTAAACGATGCACACTTGGTGTTAATCGAAAGATTAGTACCGAAGCTAACGTGTT
 AAGTGTGCCGCTGGGGAGTATGCTCGCAAGAGTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC
 ACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCAGGGCTTGACATA
 TACAGGATATAGTTAGAGATAATTATCCCGTTTTGGGGTCTATATACAGGTGCTGCATGGTTG

라) *Bartonella*

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액, 비장의 샘플에 대해 Nested-PCR를 통해 확인된 *Bartonella* spp. 양성 샘플의 세부적인 정보는 다음과 같다 (표 125).

표 125. *Bartonella* spp. 양성 검출 샘플 세부 사항

구분	표본 번호	채취 시기	동물 종	특이소견	동물 서식지	서식지 특성
혈액	CB100B1	2023-06-19 안락사 직전	노루	교통사고, 탈진, 기립불능, 안락사	충청북도 청주시 상당구 명암로 197번길 81	도로
혈액	US117B1	2023-08-14 인수 직후	노루	정보 없음	울산 북구 양정동 630-1	도로변, 숲

PCR 산물로 전기영동 진행했을 때, 한천배지의 목표 위치 *Bartonella* 양성 밴드가 검출된 샘플에 대해 유전자 분석을 실시하였고, 분석된 병원체의 유전자 서열은 다음과 같다.

>CB100B1(*Bartonella schoenbuchensis*, 365bp)

```
CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTTCA
AGTCCTCCCAGGCCACCATTTATGATTGCTGATAAGTTTGTGATAAGTTTTTGTGAATGTTTT
GATGGTCTTTTATCTTACGATCTTTCACTTTTATGTTGCAATCTTTCAAAAGTATTTGAACTGTTTTA
GGGGCCGTAGCTCAGCTGGGAGAGCACCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTTCGATCCC
GTCCGGCTCCACCATCTTTGGTTATCATCATCGTTAAAGAACAATGTTTGCAATAGATCTACAGA
TCTTAAGTCTATCATCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGT
```

>US21B(*Bartonella capreoli*, 354bp)

```
CCGGAGGGCTTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCGCGCTTGATAAGCGTGAGGTCGGAGGTTCA
AGTCCTCCCAGGCCACCATTTATGATTGCTGATAAGTTTTTGTGAATGTTTTGATGGTCTTTTA
TCTTACGATCTTTCACTTTTATGTTGCAATCTTTCAAAAGTATTTGAACTGTTTTAGGGGCCGTAG
CTCAGCTGGGAGAGCACCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTTCGTCGGTTTCGATCCCGTCCGGCTCCA
CCATCTTTGGTTATCATCATCGTTAAAGAACAATGTTTGCAATAGATCTACAGATCTTAAGTCTAT
CTCTATTGCCTGTTCTATTGAAATTGTG
```

② 병원체 유전자 계통분석을 통한 유전자형 파악

국내 야생동물센터에서 수령한 혈액, 비장 샘플 중 고라니와 야생조류(수리부엉이, 흰뺨검둥오리), 집비둘기에서 검출된 *Anaplasma phagcytophilum*, *A. bovis*의 계통발생학적 분석 결과는 다음과 같다(그림 174). *Anaplasma phagcytophilum* 양성 샘플의 경우 국내 고라니의 비장에서 분리된 시퀀스와 가장 유사하였으며(GU556621), *A. bovis*의 경우 일본의 시퀀스(AB196475)와 유사한 것으로 확인되었다.

고라니, 노루, 너구리에서 검출된 *Borrelia* spp.의 경우 *Borrelia theileri*로 확인되었다. 국내 너구리에서 분리된 *Borrelia theileri* (KY458576)와 함께 미국에서 분리된 *Borrelia lonestari* (AY166715)와도 유사한 것을 확인하였다(그림 175).

노루와 고라니에서 검출된 *Bartonella* spp.의 경우 *Bartonella schoenbuchensis* 그리고 *Bartonella capreoli*로 확인되었는데, 스위스 노루에서 분리된 *Bartonella schoenbuchensis* (CP019789)와 계통학적으로 유사한 것을 확인하였다(그림 176).

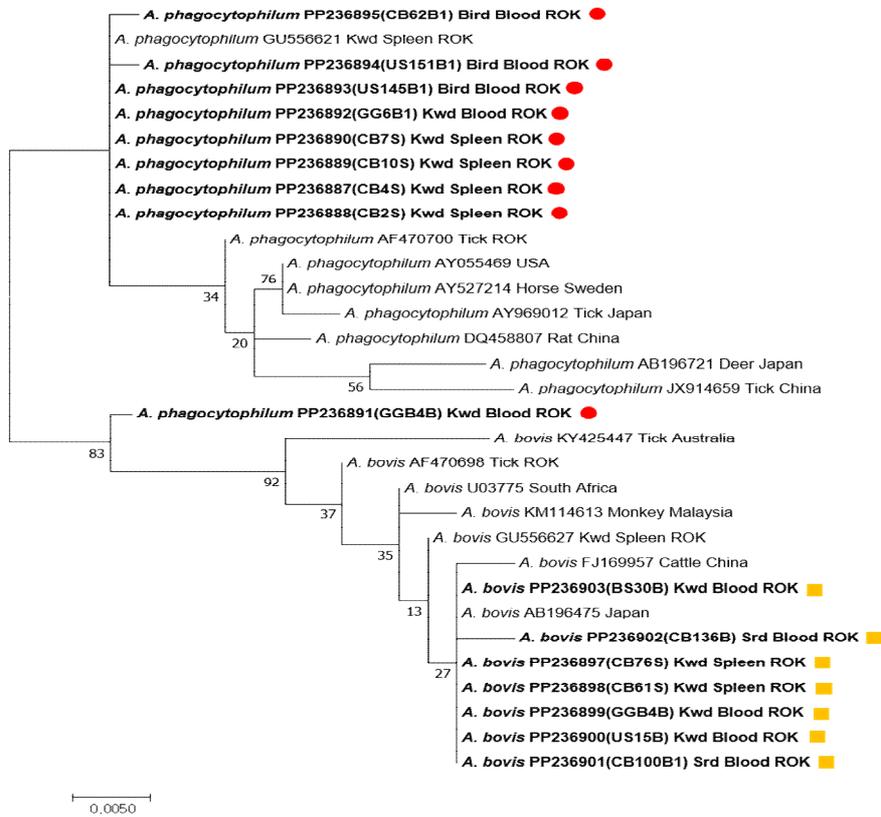


그림 174. 경기북부, 충청북도, 울산 야생동물센터에서 구조된 야생동물의 혈액과 비장에서 *Anaplasma phagocytophilum*, *A. bovis*가 검출된 샘플의 계통발생학적 분석 결과. KWD, Korean water deer(고라니); SRD, Siberian roe deer(노루); ROK, Republic of Korea; CB62B1 Bird, 수리부엉이; US151B1 Bird, 흰뺨검둥오리; US145B1 Bird, 집비둘기; ●, *Anaplasma phagocytophilum*; ■, *Anaplasma bovis*.

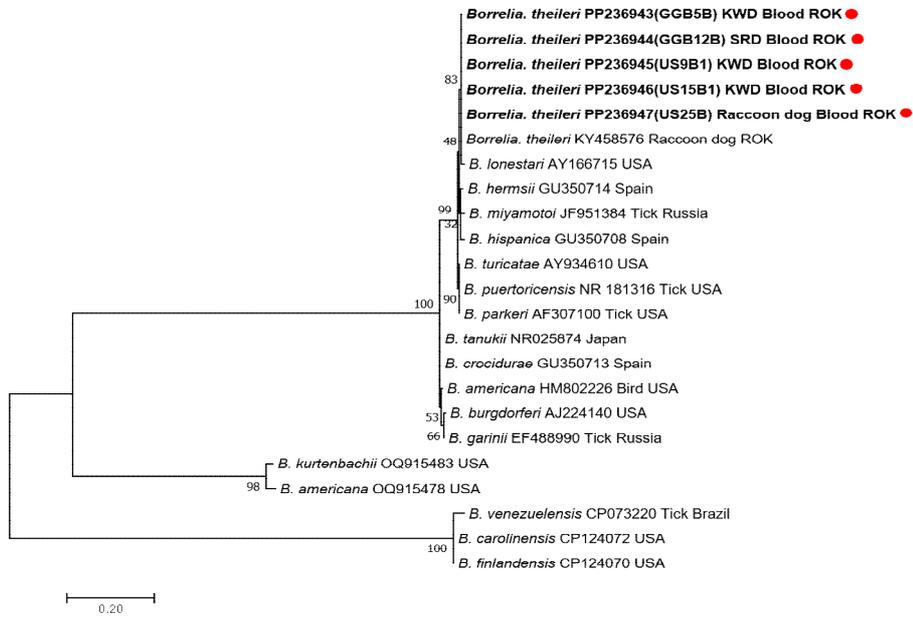


그림 175. 경기북부, 충청북도, 울산 야생동물센터에서 구조된 고라니, 노루, 너구리의 혈액에서 *Borrelia* spp. 가 검출된 샘플의 계통발생학적 분석 결과. KWD, Korean water deer(고라니); SRD, Siberian roe deer(노루); ROK, Republic of Korea; ●, *Borrelia theileri*.

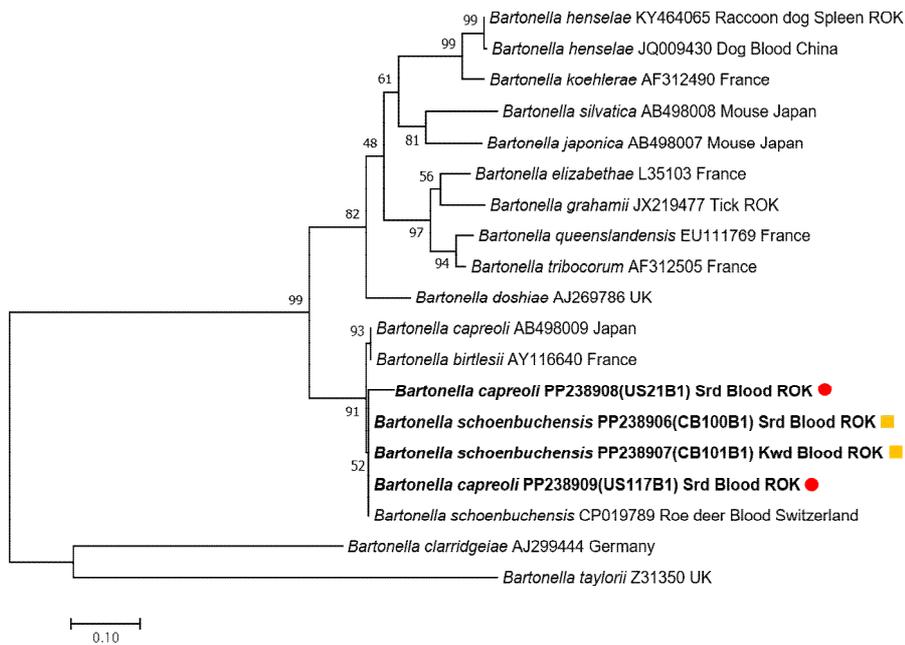


그림 176. 울산, 충북 야생동물센터에서 구조된 고라니, 노루의 혈액에서 *Bartonella* spp. 가 검출된 샘플의 계통발생학적 분석 결과. Kwd, Korean water deer(고라니); Srd, Siberian roe deer(노루); ROK, Republic of Korea; ●, *Bartonella capreoli*; ■, *Bartonella schoenbuchensis*.

○ 야생동물 혈액, 비장의 병원체 동시감염 조사

혈액, 비장에 감염된 병원체의 동시감염조사를 위한 PCR 검사 결과, 총 14가지 병원체에 대해 동시 감염된 혈액, 비장의 샘플은 다음과 같다(표 126). 병원체에 감염되지 않은 샘플은 총 212개(혈액 147개, 비장 65개), 1개 병원체에 감염된 샘플은 총 92개(혈액 62개, 비장 30개), 2개 병원체에 동시 감염된 샘플은 혈액 샘플만 39개였으며, 3개 병원체에 동시감염 샘플은 혈액 샘플만 25개, 4개 병원체에 동시 감염된 샘플은 혈액 샘플만 8개로 나타났다.

표 126. PCR를 통해 양성으로 확인된 야생동물 혈액, 비장 샘플 중 동시 감염 목록

동시 감염된 병원체 수	감염된 병원체	샘플 수	
		혈액	비장
0	병원체 없음	147	65
	소계	212	
1	SFTSV	0	0
	TBEV	0	0
	CCHFV	0	0
	YZ	0	0
	LV	0	0
	<i>A. phagocytophilum</i>	50	26
	<i>A. bovis</i>	2	2
	<i>E. chaffeensis</i>	0	0
	<i>E. canis</i>	0	0
	<i>Babesia gibsoni</i>	0	0
	<i>Borrelia</i> spp.	2	1
	<i>Rickettsia</i> spp.	2	0
	<i>Bartonella</i> spp.	6	1
	<i>Theileria</i> spp.	0	0
	소계	92	
2	SFTSV + <i>A. phagocytophilum</i>	1	1
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	16	1
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Bartonella</i> spp.	3	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	15	0
	<i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp	2	0
	소계	39	
3	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	2	0
	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	1	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.	17	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	4	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Bartonella</i> spp.	1	0
	소계	25	
4	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.	1	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.+ <i>Rickettsia</i> spp	6	0
	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp+ <i>Bartonella</i> spp.	1	0
	소계	8	
	합계	376	

병원체 2개 이상에 동시 감염된 샘플은 다음과 같다(표 127). 경기북부, 충청북도, 울산, 을숙도 센터에서 구조된 고라니, 노루에서 검출되었으며, 총 39개의 샘플에서 검출되었다. 3개 이상의 병원체에 동시 감염된 샘플은 다음과 같다(표 128). 경기북부, 충청북도, 울산, 을숙도 센터에서 구조된 고라니, 노루에서 검출되었으며 총 25개의 샘플에서 검출되었다. 4개 이상의 병원체에 동시 감염된 샘플은 다음과 같다(표 129). 충청북도, 울산센터에서 구조된 고라니에서 검출되었으며 총 8개의 샘플에서 검출되었다.

표 127. 2개의 병원체에 동시 감염된 야생동물 종 목록

구분	병원체	지역	동물 종
혈액 비장	SFTSV + <i>A. phagocytophilum</i>	충청북도	고라니
혈액 비장	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	경기북부	고라니
		울산	고라니, 노루
		충청북도	고라니
비장		충청북도	고라니
혈액		을숙도	고라니
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Bartonella</i> spp.	울산	노루
		충청북도	노루
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	충청북도	고라니, 너구리
혈액	<i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp	울산	고라니
		충청북도	고라니

표 128. 3개의 병원체에 동시 감염된 동물 종 목록

구분	병원체	지역	동물 종
혈액	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i>	충청북도	고라니
혈액	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>Borrelia</i> spp.	충청북도	고라니
		경기북부	노루
		울산	고라니
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.	충청북도	고라니, 노루
		을숙도	고라니
		울산	고라니
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp.	울산	고라니
		충청북도	고라니

표 129. 4개의 병원체에 동시 감염된 동물 종 목록

구분	병원체	지역	동물 종
혈액	SFTSV+ <i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.	충청북도	고라니
		경기북부	고라니
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Borrelia</i> spp.+ <i>Rickettsia</i> spp	울산	고라니
		충청북도	고라니
혈액	<i>A. phagocytophilum</i> + <i>A. bovis</i> + <i>Rickettsia</i> spp+ <i>Bartonella</i> spp.	충청북도	고라니

○ PCR을 통해 병원체가 검출된 야생동물 혈액, 비장의 동물 종별 분류

PCR 검사를 통해 병원체 양성이 검출된 동물 종은 다음과 같다 (표 130). 포유류는 고라니, 너구리, 노루이며, 조류는 참매, 집비둘기, 멧비둘기, 황조롱이, 흰뺨검둥오리, 꿩, 갈매기, 수리부엉이, 큰부리까마귀, 왜가리, 까치로 확인되었다. 포유류에서 검출된 병원체는 *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp., *Bartonella* spp. 이며 조류에서는 *A. phagocytophilum*, *A. bovis*, *Rickettsia* spp., *Bartonella* spp.가 검출되었다.

표 130. 국내 야생동물센터로부터 수집된 혈액, 비장 샘플 중에서 양성 검출된 동물 종

샘플 종류	지역	조류		포유류	
		동물 종	검출 병원체	동물 종	검출 병원체
혈액	강원도	참매	<i>Bartonella</i> spp.	-	
	경기 북부	-		고라니	<i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp. <i>Rickettsia</i> spp.
		-		노루	<i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp.
	울산	집비둘기 멧비둘기 황조롱이 흰뺨검둥오리	<i>A. phagocytophilum</i>	고라니	<i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp. <i>Rickettsia</i> spp.
		꿩	<i>Bartonella</i> spp.	너구리	<i>A. phagocytophilum</i> <i>Borrelia</i> spp.
		갈매기	<i>Rickettsia</i> spp.	노루	<i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Bartonella</i> spp.
	충청북도	수리부엉이 흰뺨검둥오리 집비둘기 왜가리	<i>A. phagocytophilum</i>	고라니	SFTSV <i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp. <i>Rickettsia</i> spp. <i>Bartonella</i> spp.
		까치 왜가리	<i>Bartonella</i> spp.	노루	<i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp. <i>Rickettsia</i> spp. <i>Bartonella</i> spp.
	울숙도	큰부리까마귀	<i>A. phagocytophilum</i>	고라니	SFTSV <i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> , <i>Borrelia</i> spp. <i>Rickettsia</i> spp.
		왜가리	<i>Bartonella</i> spp.		
비장	울산	흰뺨검둥오리	<i>A. bovis</i>	-	
	충북	왜가리	<i>Bartonella</i> spp.	고라니 <i>A. phagocytophilum</i> <i>A. bovis</i> <i>Borrelia</i> spp.	

○ 병원체 분석 결과 종합

본 연구 수행간 국내·외에서 수집한 임상시료(참진드기, 동물의 혈액 및 비장)를 대상으로 NGS 및 PCR을 이용한 병원체의 분석 결과, 총 56개의 바이러스, 25개의 세균, 5개의 주혈원충을 확인하였으며, 국가별로 확인된 병원체의 수는 표 131과 같다.

표 131. 국내·외에서 수집한 참진드기로부터 NGS 및 PCR 분석을 통해 확인된 병원체의 지역별 검출 결과

지역	검출된 바이러스 수		검출된 세균 수		검출된 주혈원충 수	
	NGS	PCR*	NGS	PCR*	NGS	PCR*
대한민국	30	2	8	7	2	0
태국	3	0	4	3	0	0
몽골	14	0	5	1	1	0
홍콩	-	0	-	0	-	0
필리핀	10	0	2	4	1	0
베트남(하노이)	3	0	4	4	0	0
베트남(호치민)	2	0	3	4	0	0
일본	3	0	4	2	0	0
인도네시아	7	1	5	5	1	0
대만	9	0	2	1	0	0
파키스탄	6	0	4	4	0	0
소계	53	3	18	7	5	0
합계	56		25		5	

*, 참진드기뿐만 아니라 동물의 혈액 및 비장에서 검출된 병원체를 합산하여 표기함; -, 시료 부족으로 분석 미실시.

국내와 국외에서 수집한 참진드기 및 기타 임상시료(동물의 혈액과 비장)로부터 검출된 병원체를 분석 방법(NGS, PCR)에 따라 구분하여 목록화하였다. 먼저 국내에서 수집한 참진드기 및 동물의 혈액과 비장으로 부터 검출된 병원체는 표 132와 같다.

표 132. 국내에서 수집한 참진드기로부터 NGS 및 PCR 분석을 통해 확인된 병원체의 검출 결과

지역	병원체 구분	NGS	PCR*	합계
강원	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ▲ Dabieshan uukuvirus ◆ Equid alphaherpesvirus 1 ▲ Hubei sobemo-like virus 15 ■ Human betaherpesvirus 5 ■ Human gammaherpesvirus 4 ■ Human respirovirus 3	● Langya virus	8
	세균	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ● <i>Rickettsia japonica</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp. ■ <i>Rickettsia jingxinensis</i> ○ <i>Bartonella</i> spp.	6
	주혈원충	◆ <i>Theileria luwenshuni</i>	-	1
경기 남부	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ■ Human respirovirus 3 ● <i>Orf virus</i> ▲ Wuhan tick virus 1	-	4
	세균	-	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ◆ <i>Borrelia theileri</i> ● <i>Borrelia miyamotoi</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp. ● <i>Rickettsia monacensis</i>	6
	주혈원충	▲ <i>Theileria capreoli</i> ◆ <i>Theileria luwenshuni</i>	-	2
	바이러스	▲ Brown dog tick phlebovirus 1 ▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ▲ Changping tick virus 2 ■ Human gammaherpesvirus 4 ■ Human respirovirus 3 ◆ Macacine betaherpesvirus 3 ▲ Paguma larvata torque teno virus ■ SARS-related coronavirus ● Semliki Forest virus ▲ Tick phlebovirus ◆ Woodchuck hepatitis virus	-	11
경기 북부	세균	▲ <i>Anaplasma odocoilei</i> ● <i>Rickettsia tamurae</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ◆ <i>Borrelia theileri</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp.	6
	주혈원충	▲ <i>Theileria capreoli</i> ◆ <i>Theileria luwenshuni</i>	-	2

	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ● Guanarito mammarenavirus ▲ Okutama tick virus ▲ Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2	● Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS)	5
충북	세균	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ● <i>Rickettsia tamurae</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ● <i>Ehrlichia chaffeensis</i> ○ <i>Borrelia</i> spp. ● <i>Borrelia afzelii</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp. ■ <i>Rickettsia jingxinensis</i> ● <i>Rickettsia monacensis</i> ○ <i>Bartonella</i> spp. ■ <i>Bartonella schoenbuchensis</i>	11
	주혈원충	◆ <i>Theileria luwenshuni</i>	-	1
충청	바이러스	◆ Bovine orthopneumovirus ▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ◆ Equid alphaherpesvirus 1 ■ Human betaherpesvirus 7 ■ Human gammaherpesvirus 4 ■ Human gammaherpesvirus 8 ■ Human respirovirus 3 ◆ Macacine betaherpesvirus 3 ▲ Norway partiti-like virus 1 ◆ Sacbrood virus ■ SARS-related coronavirus ● Semliki Forest virus ▲ Shanxi tick virus 2	-	13
	세균	● <i>Coxiella burnetii</i> ● <i>Rickettsia japonica</i> ▲ <i>Rickettsiella massiliensis</i> ● <i>Rickettsia tamurae</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ◆ <i>Ehrlichia canis</i> ○ <i>Borrelia</i> spp. ● <i>Borrelia garinii</i> ◆ <i>Borrelia theileri</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp. ■ <i>Rickettsia jingxinensis</i> ○ <i>Bartonella</i> spp. ■ <i>Bartonella schoenbuchensis</i> ▲ <i>Bartonella capreoli</i>	15
	주혈원충	▲ <i>Theileria capreoli</i>	-	1
부산	바이러스	X	● Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS)	1
	세균	X	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Anaplasma bovis</i> ○ <i>Borrelia</i> spp. ○ <i>Rickettsia</i> spp.	4
	주혈원충	X	-	0
대전	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ▲ Human endogenous retrovirus ■ Human respirovirus 3 ▲ Okutama tick virus ■ SARS-related coronavirus ● Semliki Forest virus	● Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS)	7
	세균	● <i>Coxiella burnetii</i> ■ <i>Francisella hispaniensis</i> ● <i>Rickettsia japonica</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ● <i>Rickettsia heilongjiangensis</i> ■ <i>Bartonella schoenbuchensis</i>	6
	주혈원충	-	-	0

흑산도	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ▲ <i>Iflavirus Ifronl</i>	● Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS)	3
	세균	● <i>Coxiella burnetii</i>	● <i>Borrelia turdi</i> ○ <i>Rickettsia</i> spp.	3
	주혈원충	-	-	0
제주도	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ■ Human immunodeficiency virus 1	-	2
	세균	◆ <i>Rickettsia bellii</i>	-	1
	주혈원충	-	-	0
합계	바이러스	30	2	32
	세균	8	16	24
	주혈원충	2	0	2

●, 인수공통감염병을 유발하는 병원체; ○, 종 미확인 병원체이지만 인수공통감염병을 유발하는 병원체; ■, 사람에서 병원성을 나타내는 병원체; ◆, 동물에서 병원성을 나타내는 병원체; ▲, 현재까지 병원성이 확인되지 않은 병원체. *, 참진드기뿐만 아니라 동물의 혈액 및 비장에서 검출된 병원체를 합산하여 표기함; X, 시료 부족으로 분석 미실시; -, 검출된 병원체 없음.

국외의 포유류, 야생조류 및 파충류로부터 채집한 참진드기에서 NGS와 PCR 분석을 통해 검출된 병원체는 표 133과 같이 목록화하였다.

표 133. 국외에서 수집한 참진드기로부터 NGS 및 PCR 분석을 통해 확인된 병원체의 검출 결과

지역	병원체 구분	NGS	PCR	합계
태국	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ● <i>Orf virus</i> ▲ Wuhan tick virus 1	-	3
	세균	▲ <i>Anaplasma odocoilei</i> ● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ● <i>Borrelia miyamotoi</i> ◆ <i>Coxiella cheraxi</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ◆ <i>Ehrlichia canis</i> ○ <i>Bartonella</i> spp.	6
	주혈원충	-	-	0
몽골	바이러스	● Beiji nairovirus ◆ Bovine viral diarrhoea virus 1 ◆ Bovine viral diarrhoea virus 2 ▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5 ▲ Gakugsa tick virus ■ Human alphaherpesvirus 1 ■ Human gammaherpesvirus 4 ■ Human gammaherpesvirus 8 ■ Human immunodeficiency virus 1 ▲ Lesnoe mivirus ▲ Mukawa phlebovirus ▲ Sara tick phlebovirus ■ SARS-related coronavirus ◆ Woodchuck hepatitis virus	-	14
	세균	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i> ● <i>Borrelia garinii</i> ● <i>Ehrlichia ewingii</i> ▲ <i>Ehrlichia muris</i> ● <i>Rickettsia slovacica</i>	○ <i>Rickettsia</i> spp. ● <i>Rickettsia tarasevichiae</i>	7
	주혈원충	● <i>Babesia microti</i>	-	1
홍콩	바이러스	X	-	0
	세균	X	-	0
	주혈원충	X	-	0

필리핀	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5		
		▲ Changping mivirus		
		● Chikungunya virus		
		◆ Jaagsiekte sheep retrovirus		
		▲ Lihan uukuvirus	-	10
		● <i>Orf virus</i>		
		■ SARS-related coronavirus		
필리핀	세균	▲ Torque teno virus		
		▲ Trinbago virus		
		▲ Xiangxi Ortho tick virus 1		
		● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>		
		◆ <i>Ehrlichia canis</i>		6
		◆ <i>Borrelia theileri</i>		
		○ <i>Bartonella</i> spp.		
주혈원충	◆ <i>Hepatozoon canis</i>	-	1	
베트남 (하노이)	바이러스	● <i>Orf virus</i>		
		▲ Porcine associated porprismacovirus	-	3
		▲ Torque teno virus		
	세균	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	
		▲ <i>Borrelia puertoricensis</i>	◆ <i>Ehrlichia canis</i>	7
		● <i>Coxiella burnetii</i>	○ <i>Rickettsia</i> spp.	
		◆ <i>Coxiella cheraxi</i>	○ <i>Bartonella</i> spp.	
주혈원충	-	-	0	
베트남 (호치민)	바이러스	■ Human respirovirus 3	-	2
		● <i>Orf virus</i>		
	세균	▲ <i>Borrelia puertoricensis</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	
		● <i>Coxiella burnetii</i>	◆ <i>Anaplasma bovis</i>	7
		◆ <i>Coxiella cheraxi</i>	◆ <i>Borrelia theileri</i>	
	주혈원충	-	-	0
	일본	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5	
● Guanarito mammarenavirus			-	3
■ Human betaherpesvirus 5				
세균		● <i>Borrelia lusitaniae</i>	● <i>Borrelia garinii</i>	
		● <i>Coxiella burnetii</i>	● <i>Borrelia afzelii</i>	
		● <i>Ehrlichia ewingii</i>	○ <i>Rickettsia</i> spp.	10
		▲ <i>Ehrlichia muris</i>	● <i>Rickettsia helvetica</i>	
주혈원충	-	-	0	
인도네시아	바이러스	▲ Brown dog tick phlebovirus 2		
		▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5		
		▲ Changping mivirus		
		◆ Gallid alphaherpesvirus 1	● Crimean-Congo haemorrhagic fever (CCHF)	8
		▲ Human endogenous retrovirus H		
		▲ Human endogenous retrovirus K		
		▲ Okutama tick virus		
인도네시아	세균	● <i>Bartonella schoenbuchensis</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	
		● <i>Borrelia hermsii</i>	◆ <i>Anaplasma bovis</i>	
		■ <i>Francisella hispaniensis</i>	○ <i>Borrelia</i> spp.	
		◆ <i>Rickettsia bellii</i>	▲ <i>Borrelia turcica</i>	13
		● <i>Rickettsia slovacica</i>	○ <i>Rickettsia</i> spp.	
			● <i>Rickettsia tamurae</i>	
			○ <i>Bartonella</i> spp.	
주혈원충	▲ <i>Hepatozoon ophisauri</i>	-	1	
		◆ <i>Bartonella bovis</i>		

대만	바이러스	▲ Bangxi Phenu tick virus 1		
		▲ Brown dog tick phlebovirus 2		
		▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5		
		◆ Equine infectious anemia virus		
		■ Human alphaherpesvirus 1	-	9
		■ Human respirovirus 3		
		◆ Sacbrood virus		
		● Semliki Forest virus		
		▲ Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2		
	세균	● <i>Coxiella burnetii</i>	○ <i>Rickettsia</i> spp.	3
		● <i>Rickettsia slovaca</i>		
	주혈원충	-	-	0
파키스탄	바이러스	▲ Cercopithecine betaherpesvirus 5		
		◆ Equid alphaherpesvirus 1		
		▲ Hubei tick virus 1		
		▲ <i>Iflavirus HdromIV</i>	-	6
		● <i>Orf virus</i>		
		▲ Torque teno Tadarida brasiliensis virus 2		
	세균	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	● <i>Anaplasma phagocytophilum</i>	6
		◆ <i>Coxiella cheraxi</i>	● <i>Ehrlichia chaffeensis</i>	
		● <i>Ehrlichia ewingii</i>	◆ <i>Borrelia theileri</i>	
		■ <i>Francisella hispaniensis</i>		
	주혈원충	-	-	0
	바이러스	40	1	41
합계	세균	15	16	31
	주혈원충	3	0	3

●, 인수공통감염병을 유발하는 병원체; ○, 종 미확인 병원체이지만 인수공통감염병을 유발하는 병원체; ■, 사람에서 병원성을 나타내는 병원체; ◆, 동물에서 병원성을 나타내는 병원체; ▲, 현재까지 병원성이 확인되지 않은 병원체. *, 참진드기뿐만 아니라 동물의 혈액 및 비장에서 검출된 병원체를 합산하여 표기함; X, 시료 부족으로 분석 미 실시; -, 검출된 병원체 없음.

(3) 병원체 분리 및 확보 결과

○ 고라니 비장 조직에서 SFTSV 분리주 확보

① PCR 방법을 이용하여 확인

SFTSV 분리주의 확인을 위해 상층액과 세포의 RNA를 추출한 후 Nested-PCR을 이용하여 결과를 확인하였다. SFTSV 양성인 고라니 비장샘플을 전처리하여 Vero E6 세포에 접종하고, 상층액 및 세포 계대배양을 통해 SFTSV 분리를 시도하였다. 고라니 비장에서 SFTSV 분리주 확보를 위한 계대배양모식도는 그림 177과 같다. 실험시 SFTSV 감염을 반복적으로 관찰하기 위해 중복실험(duplicate)을 진행하였고, 고라니 비장 샘플을 전처리하여 VeroE6 세포에 감염시킨 원배지(original)를 A, B로 명명하였다. A배지에서는 반복적인 배양이 실패하여 B 배지에서 계대배양을 시도하였으며, 3세대 계대배양까지 진행한 VeroE6의 상층액(BP1S2)과 세포(BP1S1P1)에서 Nested-PCR 통해 SFTSV 감염을 확인하였다(그림 178).

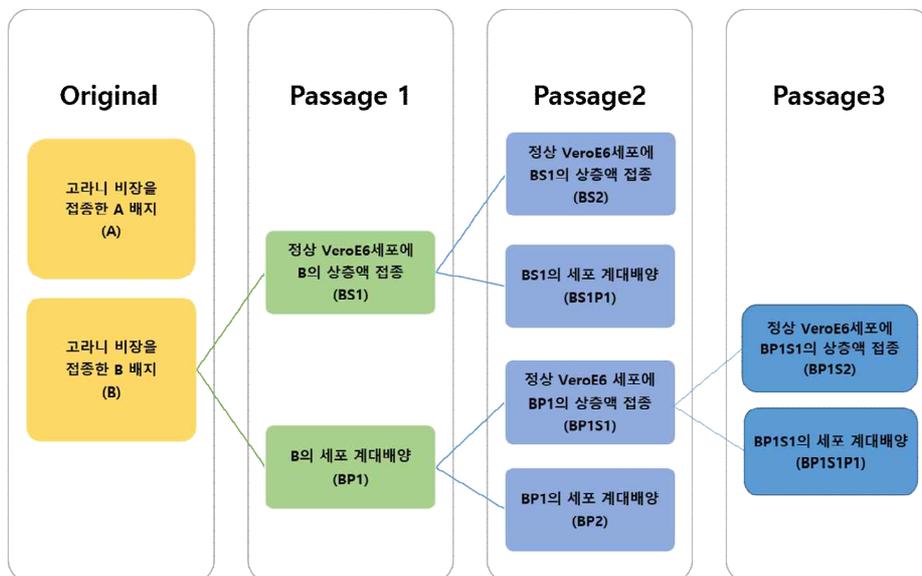


그림 177. 고라니의 비장에서 SFTSV 분리주 확보를 위한 계대 배양 모식도.

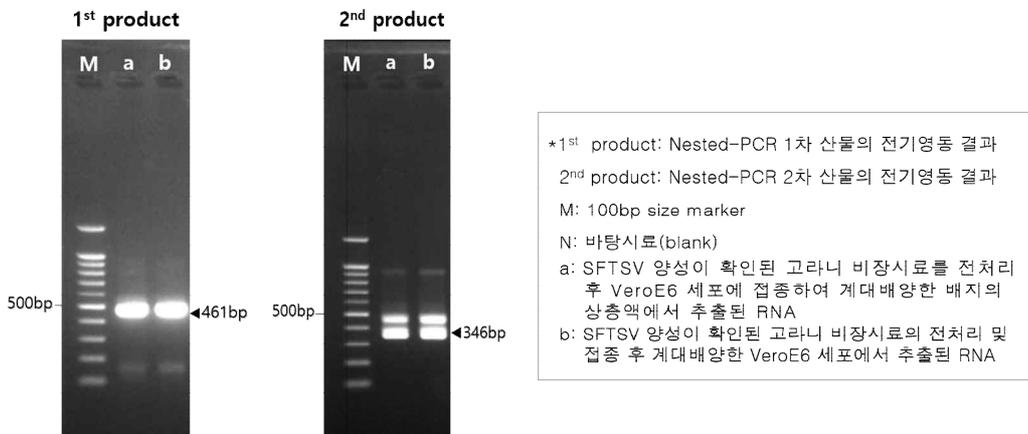


그림 178. 고라니 비장으로부터 SFTSV 분리를 위해 계대배양한 세포 및 상층액에서 Nested-PCR을 진행하여 SFTSV 감염 확인.

② 면역형광법(Immunofluorescence assay, IFA)을 이용하여 고라니 비장샘플에서 SFTSV 분리 확인

Nested-PCR을 통해 SFTSV 양성 밴드가 확인된(그림 178) SFTSV 분리주의 확인을 위해, 고라니 비장샘플의 분리주를 감염시킨 Vero E6 세포를 사용하여 항원슬라이드를 제작하였다. 대조시료(blank)를 포함하여 실험을 진행하였으며 실험에 사용되는 모든 샘플에 진행되는 시험 방법과 동일한 용량, 비율의 시약을 사용하였다. 이전에 SFTSV 항체 양성 및 음성이 확인된 고라니의 혈청 샘플들을 이용하여 항체 검사를 실시한 후, 2차 항체로는 Anti-Deer IgG(H+L) Antibody, FITC-Labeled 0.5mg(Seracare, Milford, MA, USA)를 사용하였다. 형광현미경 (EVOS™ M7000 Imaging System, Thermo Fisher Scientific, MA, USA)으로 양성 결과를 확인하였다(그림 179).

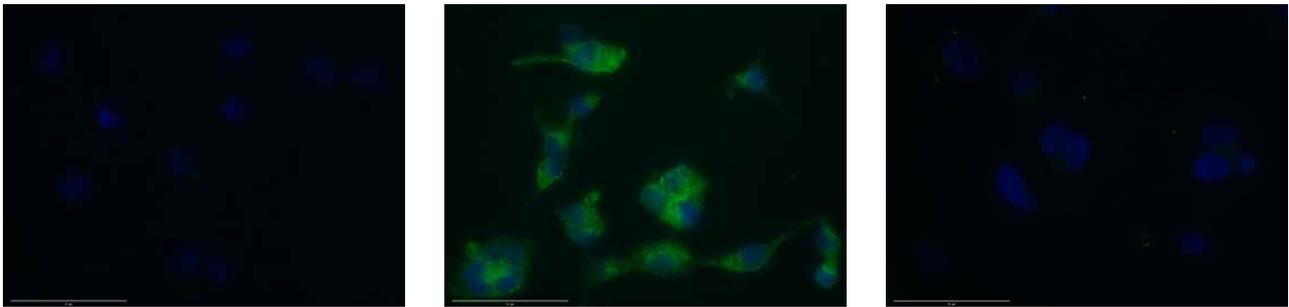


그림 179. 40x 배율로 촬영된 DAPI와 GFP를 병합한 항원 슬라이드 검사 결과. 좌측, 바탕시료(blank)로 면역형광법을 진행한 결과; 중앙, SFTSV 항체 양성 고라니 혈청 샘플로 면역형광법을 진행한 결과; 우측, SFTSV 항체 음성 고라니 혈청 샘플로 면역형광법을 진행한 결과.

(4) 병원체 분석 결과에 대한 고찰

이 연구는 아시아 철새이동경로 상에 있는 국가들로부터 채집한 참진드기에서 진드기 매개 병원체를 검출하고, 이러한 병원체가 철새를 통해 국경 너머 전파될 수 있는 가능성을 예측하기 위한 목적으로 수행되었다. 이를 위해, 한국을 포함한 10개국의 야생 동물(철새 포함), 사육동물 및 식생으로부터 참진드기 및 동물의 혈액 또는 비장을 수집 후 병원체 검출을 시도하였다. 특히 NGS 분석 및 PCR 분석을 통해 참진드기로부터 다양한 병원체인 바이러스, 세균, 주혈원충의 검출을 시도하고자 하였다.

먼저 아시아 10개 국가의 동물로부터 채집한 참진드기의 풀링 샘플 22개(국내 12개, 국외 10개)을 대상으로 NGS 분석을 실시한 결과, 23과의 바이러스 53종, 참진드기 매개 병원체로 알려진 6과의 세균 18종 및 3과의 주혈원충 5종과 관련된 유전자 염기서열을 확인하였다(표 132, 133).

가. NGS 분석을 통해 검출된 바이러스에 대한 고찰

국내·외에서 수집된 참진드기로부터 NGS 분석을 실시한 결과, 총 23과 53종의 바이러스를 확인하였다. 국내의 야생 포유류에서는 15과 24종, 야생 조류에서는 10과 14종의 바이러스가 확인되었으며, 국외의 야생동물 및 사육동물 중 포유류에서는 17과 27종, 야생 조류에서는 10과 16종, 그리고 파충류에서는 4과 3종의 바이러스를 확인하였다. 특히 인수공통 감염병을 일으킬 수 있는 5종의 바이러스가 확인되었고, 또한 사람에서 병원성을 보이는 8종의 바이러스, 그리고 동물에서 병원성을 보이는 10종의 바이러스가 확인되었다.

이 연구에서 확인된 인수공통감염성 바이러스 중 Guanarito mammarenavirus는 주로 남아메리카의 토착 지역 방문시 해당 바이러스에 감염된 설치류의 분비물 및 배설물과 접촉하거나 감염 환자의 혈액 및 체액을 통해 전파 가능한 것으로 알려진 바이러스이다(Milazzo et al., 2011). 사람에게 감염시 초기에는 발열, 두통, 구토, 설사, 혈소판 감소증, 백혈구감소증 등을 보이며, 중증인 경우 흑변, 점상출혈 및 다발성 장기부전 끝에 사망에 이르는 베네주엘라 출혈열을 유발할 수 있다(Silva-Ramos et al., 2022). 이는 치명률이 30%에 달하는 제1급감염병인 남아메리카출혈열에 속하며, 질병 발생 또는 유행 즉시 신고의 의무가 있고 음압 격리가 필요한 법정감염병으로 지정되어있으나 현재까지는 국내 발생 보고가 없다. 이번 연구간 국내의 야생 포유류에서 채집한 참진드기로부터 해당 바이러스가 확인된 것은 국내의 야생 포유류 및 참진드기에서 이 바이러스가 순환하고 있을 가능성을 시사한다. 또한 일본의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 Guanarito mammarenavirus와 관련하여 많은 수의 바이러스 read가 확인됨에 따라, 계절에 따른 철새 이동 경로에 따라 이 바이러스가 국내로 유입될 가능성을 고려할 수 있다. 따라서 원인미상열 환자의 진단에 있어서도 감별진단의 대상으로써 고려되어야 할 것이다.

Semliki Forest virus는 주로 *Aedes* 속 모기에 의해 전파되며, Chikungunya virus와 유전적으로 유사한 바이러스이다(Fazakerley, 2002). 이 바이러스는 사람에게 감염시 대부분은 발열, 두통, 관절통 등 경증의 임상증상을 유발하나, 중증의 경우 수막뇌척수염 발생 및 사망에 이를 수 있다(Mathiot et al., 1990). 주로 아프리카 지역에서 검출되는 바이러스이나 1971년 베트남에서 확인된 Me Tri virus가 2008년에 이르러 Semliki Forest virus의 하위그룹에 속하는 바이러스임이 밝혀짐에 따라, 해당 바이러스가 기존의 토착 지역을 넘어 광범위하게 전파되고 있음을 추정할 수 있다(Hien et al., 2008). 이번 연구 수행간 국내 야생 포유류와 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 해당 바이러스가 확인된 것은 이 바이러스

가 모기뿐 아니라 진드기를 매개해서도 전파될 수 있는 가능성 뿐만 아니라 국내의 자연계에서도 순환하고 있을 가능성을 제시한다. 현재까지 국내에서 이 바이러스가 검출되었다는 공식적인 보고가 없어, 지속적인 감시 및 예찰이 필요할 것으로 판단된다.

*Orf virus*는 감염된 염소나 면양과의 접촉에 의해 전파될 수 있으며, 사람에서는 경증의 전염성 농포성 피부염을 유발할 수 있는 바이러스이다(Bergqvist et al., 2017). 이 바이러스는 세계적으로 널리 분포하며, 국내의 흑염소에서 검출된 바 있다(Park et al., 2004; Oem et al., 2013). 이번 연구 수행간 국내의 야생 포유류, 그리고 태국, 필리핀, 베트남(하노이, 호치민) 및 파키스탄의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 해당 바이러스가 검출됨에 따라, 한국을 비롯한 아시아에 널리 분포하는 인수공통감염성 바이러스임을 확인할 수 있었으며, 향후 *orf virus*의 특징적인 유전서열의 비교를 통해 계통 분석을 실시한다면 이 바이러스의 역학 정보 또한 확보할 수 있을 것으로 판단된다. 이 바이러스 역시 진드기와 같은 흡혈 절지동물을 매개로 전파 가능한 증거는 현재까지 보고된 바 없기 때문에, 전파 기전에 대한 추가적인 연구도 이루어져야 할 것이다.

*Chikungunya virus*는 동아프리카에서 처음 확인된 모기 매개 바이러스로, 사람에게 감염시 심각한 관절통을 유발할 수 있다(Lumsden, 1955; Mavalankar et al., 2008). 이 바이러스는 아프리카와 아시아 지역의 사람 또는 모기로부터 다수 보고되었으나, 많은 연구에서 불구하고 중간 매개 동물에 대한 증거는 현재까지 거의 없는 상태이다(Powers and Logue, 2007). 아프리카의 사바나 지역에 서식하는 야생 유인원의 혈청학적 분석에서 이 바이러스에 대한 항체가 검출된 보고가 있으며(Jupp and McIntosh, 1988) 잠재적 보균자로서의 역할을 확인하기 위한 실험실적 감염 연구에서 쥐와 유인원에서 바이러스 특이적 항체의 존재를 확인한 바 있다(McIntosh, 1961, Paul & Singh, 1968; Bedekar & Pavri, 1969; Johnson et al., 1977). 또한 쥐와 원숭이의 구강 타액으로부터 바이러스 항원을 확인한 연구 결과도 보고되었다(Gardner et al., 2015). 그러나 아시아 지역에서는 사람-모기-사람 전파고리만이 존재하는 것으로 추정되는 것으로 알려져 있다(Powers and Logue, 2007). 모기 이외의 매개 절지동물을 확인하기 위해, *Ornithodoros savignyi* 진드기를 이용한 실험적 시도가 수행되었으나 매개체로서의 증거는 확인되지 않았다(Jupp et al., 1981). 그런데 이번 연구에서는 필리핀의 포유류(소, 개)에서 채집한 참진드기로부터 *Chikungunya virus*가 검출되었다. 이는 아시아 지역에서 기존에 알려진 바이러스의 전파 형태와는 다른 매개 동물(소, 개) 및 매개 절지동물(참진드기)의 존재 가능성을 제시하는 의미있는 결과이다. 따라서 필리핀을 비롯한 여러 아시아 지역의 동물에 대한 혈청학적 조사, 그리고 참진드기를 매개로 해당 바이러스가 전파될 수 있는지에 대한 추가적인 연구를 통해서 향후 이 바이러스의 전파 경로를 예측하고 대비할 수 있을 것이다.

마지막으로 *Beiji nairovirus*는 최근에 발견된 인수공통감염성 바이러스로, 참진드기에 물린 이력이 있으면서 발열, 두통, 혈소판감소증, 백혈구감소증 및 간 기능 부전 등의 임상증상을 보이는 중국의 사람 환자로부터 처음 확인되었다(Wang et al., 2019). 2017-2018년 몽골의 67명의 혈액과 동물(양, 소)의 혈액, 그리고 2015년 중국 동북부의 식생에서 채집한 참진드기에서도 메타분석을 통해 바이러스의 존재가 확인된 바 있다(Wang et al., 2021). 이번 연구에서는 몽골의 야생 조류로부터 채집한 참진드기에서 이 바이러스의 존재를 확인하였다. 이는 참진드기가 이 바이러스를 매개한다는 기존 연구 결과를 뒷받침해주는 결과인 동시에, 철새에서 흡혈 중인 참진드기에서 확인되었다는 점에서 철새 이동 경로에 따른 전파의 가능성을 제시할 수 있는 의미있는 결과로 볼 수 있다. 이 바이러스에 감염될 경우 SFTS, TBE와 같은 진드기 매개 질병과 유사한 임상증상을 나타내기때문에, 진드기 교상 이력이

있는 원인미상열 환자의 진단시 반드시 감별진단 목록에 포함하여 진단할 필요가 있다. 또한 참진드기를 매개로 전파될 수 있기 때문에, 바이러스를 매개할 수 있는 동물과 참진드기에 대한 적극적인 연구와 모니터링이 필요하다.

또한 사람에서 병원성을 나타내는 8종의 바이러스는 대부분 사람의 면역계, 신경계 또는 호흡기계에서 경증에서 중증의 임상증상을 유발할 수 있는 바이러스로 확인된다. Human alphaherpesvirus 1은 Human herpesvirus 1로도 불리며, 감염된 환자의 입 주변에 포진을 발생하고 동통을 유발할 수 있으며, 감염된 환자의 삼차신경절에 머물다가 신경계에 영향을 주어, 향후 알츠하이머병(Alzheimer's disease)의 발생 위험을 높이는 요인이 될 수 있다는 연구 결과가 보고된 바 있다(Dobson and Itzhaki, 1999).

Human betaherpesvirus 5는 Human cytomegalovirus로도 불리며, 감염 환자에서 세포매개성 면역을 억압하는 작용을 하는 것으로 보고되었다(Demin et al., 2022). Human betaherpesvirus 7의 경우, 보통 어린이에서 감염되어 비특이적인 고열부터 돌발성 발진(exanthem subitum)까지 다양한 임상증상을 유발할 수 있다(Levy, 1997; Van den Berg et al., 1999). Human gammaherpesvirus 4는 Epstein-Barr virus로도 불리며, 전세계 90% 이상의 인구에 무증상 감염으로 존재하는 바이러스이다. 보통 어린 시절에 감염되어 임상증상을 보이지 않지만, 간혹 B-cell/T/NK-cell 림프종식성 질환을 유발할 수 있는 것으로 보고되었다(Gurtsevitch et al., 2022). 이 바이러스는 현재까지 사람만이 유일한 숙주인 것으로 알려져 있는데, 이번 연구에서 국내의 강원 지역에 서식하는 야생 포유류 및 조류, 경기 북부에 서식하는 야생 포유류, 울산 지역에 서식하는 야생 포유류와 야생조류, 그리고 몽골의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스가 검출된 것은 이례적인 발견이다. Human gammaherpesvirus 8는 Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus로도 불리며, 면역 억압 환자에서 흔히 발생하는 암 중 카포시 육종(Kaposi's sarcoma)을 유발할 수 있는 바이러스로 알려져 있다(Lopes et al., 2021). Human immunodeficiency virus 1은 자가면역질환증후군(Auto immune diseases syndrome, AIDS)를 유발하여 공중보건학적으로 중요한 바이러스이다(McLaren and Fellay, 2021). Severe acute respiratory syndrome-related virus(SARSr CoV)는 중증의 환자에서 호흡 억압 증후군을 유발할 수 있는 바이러스로, 2019년부터 전세계를 혼돈에 빠뜨렸던 팬데믹 감염병의 원인체로 알려진 SARS CoV-2과 같은 그룹에 속하는 바이러스이기에 변이 및 전파 양상 등에 대한 지속적인 관심과 모니터링이 필요할 것으로 판단된다(Gorbalenya et al., 2022; Stockman et al., 2006). 그러나 사람에 병원성을 보이는 이 8종의 바이러스들이 실제로 동물 또는 참진드기를 매개로 전파될 수 있는지에 대한 정보가 현재까지는 제한적이다. 따라서 병원체 분석 결과의 해석시 샘플 채집 또는 실험 수행 과정 중 실험자에 의한 시료의 오염을 고려할 수 있으며, 추가적인 분석을 통해 병원체를 정확히 분리하고, 병인론적 연구가 수행되어야 할 필요성이 제시된다.

한편 동물에서 병원성을 나타내는 11종의 바이러스는 소, 돼지, 말, 양, 닭 등의 가축부터 무드척(*Marmota monax*), 레서스(Rehsum) 원숭이, 꿀벌 등의 동물에서 다양한 임상증상을 유발할 수 있다. Bovine orthopneumovirus는 어린 송아지에서 호흡기계 질환을 유발하여, 전 세계적으로 큰 경제적 손실을 일으킨 바이러스로 알려져 있다(Valarcher et al., 2007). 이번 연구에서는 국내 울산 지역에 서식하는 야생 포유류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스에 대한 서열이 검출되었으나, 해당 서열은 주로 여러 재조합 바이러스의 표지자로서 사용하는 mCherry red fluorescent protein 유전자 서열과 유사한 서열(GBAN Accession no. ON110491)로 확인되었다. 이는 재조합된 bovine orthopneumovirus가 미상

의 이유로 해당 생태계에 순환하게 된 것인지의 여부에 따라 이 바이러스 서열이 확인된 지역에서의 위협 요인으로 작용할 가능성을 따져볼 수 있을 것으로 판단되기에 시료 내 이 바이러스의 유전 정보에 대한 추가적인 분석이 필요하겠다. Bovine viral diarrhea virus 1과 bovine viral diarrhea virus 2는 소나 양 등의 반추동물과 돼지에서 소 바이러스성 설사/점막병을 유발하는 바이러스이며 역시 축산업계에 큰 타격을 줄 수 있는 바이러스로 알려져 있다(Smith et al., 2017). 이번 연구에서는 몽골의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스의 서열이 확인되어, 기존에 알려진 동물 숙주에 대한 연구 결과와는 다른 새로운 발견이다. Equid alphaherpesvirus 1은 말에서 유·사산, 비폐렴, 말 허피스바이러스 척수 뇌증과 같은 신경계 질환을 유발할 수 있으며, 흑곰이나 기니픽, 톱슨가젤에서도 검출된 바 있다(Bazanow et al., 2014; Allen et al., 2004; Wohlsein et al., 2011). 이번 연구에서는 국내 강원 지역의 야생 포유류, 울산 지역의 야생 포유류와 야생 조류, 그리고 파키스탄의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스가 검출되었다는 점에서 이 바이러스의 잠재적인 숙주 또는 매개체가 조류이거나 참진드기일 가능성을 확인한 새로운 발견으로 판단할 수 있겠다. Equine infectious anemia는 감염된 말에서 “swamp fever”를 유발하여 빈혈로 인해 경제적 손실을 일으키는 흡혈 절지동물 매개성 병원체로 알려져 있다(Malik and Sarkar, 2017). 특히 대만에서는 1972년에 발생 보고되었으며, 이후로 말의 혈청학적 유병률 조사간 매우 낮은 양성률을 보였다(Lo and Wu, 2014) 이번 연구에서 대만의 포유류에서 채집한 참진드기에서 확인된 결과로 미루어 보아, 대만의 자연계에 여전히 순환하고 있을 가능성을 제시할 수 있고, 이 바이러스에 대한 지속적인 감시 예찰이 필요할 것으로 사료된다. Gallid alphaherpesvirus 1는 닭에 감염하여, 전염성 후두기관지염을 유발하여 양계 산업에 큰 타격을 줄 수 있는 바이러스이다(Devlin et al., 2006). 이 연구에서는 인도네시아의 사육 포유류와 파충류에서 채집한 참진드기로부터 해당 바이러스의 서열을 확인하였는데, 기존의 연구에서 인도네시아에서는 검출 보고가 없다는 점에서 특이적인 발견으로 볼 수 있겠다. 닭에 감염하는 바이러스이나, 사육 포유동물에서 채집한 참진드기에서 검출되었다는 점에서, 농장 내에서 참진드기에 의한 전파 고리를 형성하였을 가능성을 제시할 수 있겠다. Jaagsiekte sheep retrovirus는 양이나 염소에서 ovine pulmonary adenocarcinoma로 알려진 폐암을 유발할 수 있는 병원체이며, 사람의 폐암의 병리기전을 연구하기에 적합한 모델로 활용된다(De las Heras et al., 2003; Hofacre and Fan, 2010). 이번 연구에서는 필리핀의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 확인되었는데, 채집한 사육 농가 내에서 함께 사육하는 염소가 있었던 점을 고려할 때, 참진드기를 매개한 전파의 가능성을 고려해볼 수 있다. Macacine betaherpesvirus 3는 Rhesus cytomegalovirus로도 불리는데, 실험적으로 감염된 레서스 원숭이에서 신경계 증상을 보이는 것이 확인되었고 감염시의 병리기전이 human cytomegalovirus 감염과 유사한 점에서 연구 모델로 활용되고 있다(Gong et al., 2023; Swack et al., 1982; Tarantal et al., 1998; Yue et al., 2008). 이 연구에서는 국내 경기 북부와 울산 지역에 서식하는 야생 포유류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스와 유사한 염기서열이 확인되었으나, 현재까지 감수성 있는 동물이나 사람에 대한 연구 결과가 매우 제한적이기 때문에 공중 보건학적 또는 경제적인 피해를 유발할 가능성에 대해서는 판단하기는 어렵다. Sacbrood virus는 꿀벌에서 최초로 보고된 바이러스로 유충의 비정상적 변태를 유발하여 폐사를 일으키며, 한국을 비롯한 여러 아시아 국가의 양봉 산업에 심각한 경제적 손실을 유발하였다(Choe et al., 2012; White, 1917). 이 연구에서는 국내 울산지역의 야생 조류 및 태국의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 이 바이러스의 서열이 확인되었다. 이 바이러스가 절지동물을 매개하여 전파될 수 있다는 기존의 연구 참진드기 또한 매개

체로서 작용할 수 있다는 가능성을 제시해주는 결과로 볼 수 있겠으나, 이 역시 병원체 검출의 추가적인 증거가 더 필요하겠다. Woodchuck hepatitis virus는 다람쥐과의 우드척에서 간염 또는 간세포성 암종을 유발하는 바이러스이며, 그 병리기전이 사람의 B형 간염 바이러스 감염시 병리기전과 유사하여 실험실적 연구 모델로서 활용되고 있다(Bellezza et al., 2015; Ogston et al., 1982; Suresh et al., 2019). 이렇듯 이 연구에서는 동물에서 병원성을 나타낼 수 있는 10종의 바이러스에 관련된 염기서열이 확인되었으나, 실제로 진단기를 매개하여 전파될 수 있는지에 대한 정보는 매우 제한적이기 때문에 관련된 추가적인 연구 결과와 함께 분석되어야 할 필요성이 제시된다.

그 외 사람이나 동물에 병원성이 밝혀지지 않은 바이러스가 다수 확인되었으며, 이 중 기존의 연구에서 탐진드기로부터 검출된 것으로 보고된 바이러스 종을 확인할 수 있었다. Phenuiviridae에 속하는 Dabieshan uukuvirus, Lihan uukuvirus, Mukawa phlebovirus, 및 Sara tick phlebovirus, Chuviridae에 속하는 Changping mivirus와 Lesnoe mivirus, 그리고 계통상 아직 분류되지 않은 Shanxi tick virus 2 및 Hubei tick virus 1는 중국의 탐진드기로부터 메타지놈 분석 결과 확인된 바이러스임을 확인하였다(Calisher and Calzolari, 2021; Geng et al., 2023; Hu et al., 2023; Li et al., 2015; Liu et al., 2022; Wang et al., 2020; Wang et al., 2021; Wang et al., 2023). 또한 탐진드기에서 검출된 것으로 알려진 바이러스 중 국내의 탐진드기로 분석한 결과 확인된 Brown dog tick phlebovirus 1, Brown dog tick phlebovirus 2, Changping tick virus 2, Dabieshan uukuvirus, Hubei sobemo-like virus 15 및 Shanxi tick virus 2, 그리고 국외의 탐진드기로 분석한 결과 확인된 Changping mivirus, Gakugsa tick virus, *Iflavirus HdromIV*, Mukawa phlebovirus 및 Wuhan tick virus 1의 경우, 분석간 작성한 유전자 염기서열 지도 상에서 참조서열 또는 전체 유전자 염기서열 정보에 대조하여 상당 부분에 해당하는 염기서열 정보들이 확인되어, 탐진드기 내 많은 양의 병원체가 존재했을 것으로 추정할 수 있다. 이 경우, 같은 지역과 동물에서 채집된 다른 탐진드기 시료를 대상으로 PCR 또는 병원체 분리를 시도하여 바이러스의 검출을 확인하고 특징적인 서열을 확인하여 계통분석간 해당 병원체의 역학 관계를 추적하여 탐진드기를 매개로 전파될 수 있는 병원체나 질병의 감시 예찰의 데이터로 활용할 수 있을 것이다.

반면 유전자 염기서열 지도 상에서 참조서열(전체 유전자 염기서열) 대비 해당 염기서열 정보의 coverage가 다소 낮은 염기서열 또한 다수 확인되었다. 이는 탐진드기 내 바이러스가 극미량으로 존재함에 따라, 분석 과정간 증폭된 유전정보의 양 또한 상대적으로 적기 때문에 분석 결과 해당 바이러스의 전체 유전자 서열 대비 낮은 coverage의 정보만이 확인되었거나, 혹은 여러 병원체에서 비특이적으로 확인될 수 있는 유전자 염기서열일 수 있다. 따라서 목표하는 바이러스를 검출하기 위해 개별 바이러스에 최적의 PCR 조건을 확립하고, 연구 결과 확인된 염기서열 정보 내 바이러스의 생리 기전에 관여하는 유전자의 여부에 대한 추가적인 데이터를 종합적으로 분석하여 병원체 검출 결과의 신뢰성을 높일 수 있을 것으로 판단된다.

나. NGS 분석을 통해 검출된 세균에 대한 고찰

국내·외에서 수집된 탐진드기로부터 NGS 분석을 실시한 결과, 총 6과 18종의 세균을 확인하였다(표 132-133). 국내의 야생 포유류에서는 3과 5종, 야생 조류에서는 3과 5종의 바이러스가 확인되었으며, 국외의 야생동물 및 사육동물 중 포유류에서는 7과 10종, 야생 조류에서는 5과 7종, 그리고 파충류에서는 3과 4종의 세균을 확인하였다. 특히 인수공통감염

병을 일으킬 수 있는 11종의 세균, 사람에서 병원성을 보이는 1종의 세균, 그리고 동물에서 병원성을 보이는 2종의 세균이 확인되었다.

먼저 이 연구에서 확인된 인수공통감염성 세균 중 *Anaplasma phagocytophilum*는 사람에게 감염시 사람 과립구성 아나플라즈마증(human granulocytic anaplasmosis)을 유발하는 병원체로, 주 매개체인 *Ixodes ricinus* 참진드기와 함께 전 세계적으로 널리 분포하고 있다(Telford 3rd et al., 1996). 감염된 사람에서는 비특이적인 온열 질환을 보이며, 무증상부터 호흡 곤란, 위장관계 출혈, 신부전 및 간 손상 등의 치명적인 임상증상을 나타낼 수 있다(Dahlgren et al., 2011). 개, 말, 반추동물에 감염시 과립구성 아나플라즈마증을 유발하여 발열, 백혈구 감소증, 혈소판 감소증 등의 임상증상을 보이고, 야생 반추동물, 멧돼지, 붉은여우 등은 보균자로서의 역할을 하며 자연계 순환고리를 형성하고 있는 것으로 보고되었다(Carrade et al., 2009; Stuen et al., 2013; Woldehiwet, 2010). 이번 연구에서는 국내 강원 및 충북 지역의 야생 포유류 그리고 태국, 베트남(하노이), 파키스탄의 포유류, 몽골의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 이 세균이 확인되었다. 이 병원체와 매개 참진드기가 널리 분포하며 보균동물 종이 매우 다양함에도 불구하고 공중보건학적으로 중요한 인수공통 병원체로서의 관심도는 다소 낮은 상황이나, 잠재적인 병원성에 대한 지속적인 예찰과 모니터링이 지속되어야 할 것이다. *Bartonella schoenbuchensis*는 주로 사슴파리(deer ked)에 의해 전파될 수 있고, 동물에 감염시 균혈증(bacteremia)을 유발하며, 사람의 사슴파리피부염의 발병에 관련성이 있을 것으로 추정되는 세균이다(Dehio et al., 2004). 이 연구에서는 인도네시아의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 해당 병원체에 관련한 염기서열이 확인되었으며, 매개 절지동물인 사슴파리의 생활사와 참진드기의 생활사의 교차점에 대한 추가적인 연구의 필요성이 제시된다. *Borrelia garinii*는 유라시아 대륙의 라임 보렐리아증(Lyme borreliosis)을 유발하는 병원체 중 하나로, 주된 보균자는 조류이다(Kurtenbach et al., 2002). 이 세균은 육지 새뿐만 아닌 바다 새에서도 분리된 바 있으며, 계절에 따른 철새의 이동에 따라 널리 전파될 수 있다(Comstedt et al., 2006; Olsen et al., 1993; Olsen et al., 1995). 같은 Borreliosis의 병원체 중 *B. garinii*는 다소 높은 온도인 41°C에서도 생존할 수 있는 특성을 지니기 때문에 조류에 감염 후 적응함으로써 조류를 통한 전파고리를 형성한 것으로 보고되었다(Hubalek et al., 1998). 이번 연구에서 역시 몽골의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 해당 병원체가 검출되었는데, 기존의 연구 결과와 함께 철새의 이동과 함께 전파 가능성을 예측함으로써 공중보건 안전을 확보할 수 있을 것으로 판단된다. 특히 *B. garinii*의 경우를 고려할 때, 병원체의 병인론적 특성에 따라 숙주 또는 보균자의 후보동물을 추정해볼 수 있고 그에 따른 전파의 경로 예측에도 유의미한 정보를 제공할 것으로 보인다. *Borrelia lusitaniae*는 도마뱀에서 검출된 바 있으며, 사람에서 라임 보렐리아증을 유발하는 병원체 중 하나이고 혈관염 유사 증후군(vasculitis-like syndrome)을 유발할 수 있는 것으로 알려져 있다(Collares-Pereira et al., 2004; Lopes de Carvalho et al., 2008). 이번 연구에서는 일본의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 해당 세균에 해당하는 염기서열이 확인되었으나, 보균동물이나 매개체를 통한 전파 기전에 대한 정보는 제한적이기 때문에 PCR 등의 추가적인 진단 검사를 후에 병원체의 새로운 전파 경로로 추정할 수 있을 것으로 판단된다. 또한 *Coxiella burnetii*는 세계적으로 널리 분포하며, 국내에서도 절지동물 매개로 전파되는 인수공통감염병인 Q열을 유발하는 주요 관심 병원체이다. 이번 연구에서도 국내의 야생 포유류 및 야생 조류, 국외의 포유류 및 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 이 세균에 해당하는 염기서열이 다수 확인되었다. 기존의 발생 보고에 더불어 이번 연구에서 확인된 염기서열 정보의 계통학적 분석을 통해, 이 세균의 국내, 그리고 국제적인

전파 경로에 대한 역학적 정보를 획득할 수 있을 것으로 판단되며, 이는 향후 공중보건학적인 예방 및 감시 대책 마련에 유용한 자료로써 활용할 수 있을 것이다.

*Ehrlichia ewingii*는 주로 개에서 과립구성 에를리키아증(granulocytic ehrlichiosis)를 유발하나, 감염된 사람에서도 발열, 두통 및 혈소판 감소증 등의 임상증상이 보인 사례가 보고되었다(Yabsley et al., 2002). 이번 연구에서는 필리핀과 파키스탄의 포유류, 몽골과 일본의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 해당 세균이 확인되었으며, 이 또한 계통학적 분석을 통해 향후 국내에서의 공중보건학적 위협 요인으로써 작용할 것인지의 여부를 가늠해볼 수 있을 것이다.

*Borrelia hermsii*와 *Borrelia miyamotoi*는 사람에서 재귀열(relapsing fever)을 유발하는 진드기 매개 병원성 세균이며 각각 미 서부와 일본에서 확인된 바 있다(Schwan et al., 1992; Cutler et al., 2019). 두 병원체 모두 동물에서의 병원성은 현재까지 밝혀진 바 없으며, 이번 연구에서 *B. hermsii*는 인도네시아의 파충류에서 채집한 참진드기, 그리고 *B. miyamotoi*는 태국의 포유류에서 채집한 참진드기로부터 검출되었다. *B. hermsii*는 연진드기에 속하는 *Ornithodoros hermsii*에서 보고된 바 있다는 것을 고려할 때 이 병원체가 참진드기 및 연진드기 모두에서 전파고리를 형성할 수 있음을 보여준다(Manzano-Roman). 또한 *B. miyamotoi*가 태국의 물왕도마뱀에서 채집한 *Amblyomma* 속 참진드기로부터 확인된 최근의 연구 결과를 고려할 때(Kaenkan et al., 2020), 이 세균은 동아시아의 파충류와 포유류 동물에 상재하고 있으며, 잠재적인 공중보건의 위협요인으로서 작용할 가능성을 제시할 수 있겠다.

*Rickettsia japonica*는 1984년 이후 일본, 한국, 중국, 태국에서 일본 홍반열(Japanese spotted fever)의 원인체로써 보고된 진드기 매개 병원체이다(Qin et al., 2019). 일본 홍반열은 심각한 인수공통감염병으로, 발병시 두통, 발열, 오한, 불안증 등의 임상증상을 나타낸다(Mahara, 1997). 이번 연구에서는 국내 강원 지역의 야생 포유류와 야생 조류, 그리고 울산과 대청도 지역의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 검출되었다. 이 세균을 보균하거나 증폭하는 중간 숙주동물에 대한 보고는 제한적이거나, 이번 연구 결과를 고려할 때 야생 조류가 *R. japonica*의 매개 동물로서의 역할을 할 가능성을 추정할 수 있으며, 이는 동아시아를 주기적으로 이동하는 철새의 이동 경로와 함께 역학적 분석의 필요성이 제시된다.

*Rickettsia slovaca*는 1968년 체코슬로바키아 및 유럽, 그리고 1996년 스페인에서 중증의 액와부 림프선염을 앓는 노령의 환자를 물었던 *Dermacentor marginatus* 참진드기로부터 확인되었다(Ibarra et al., 2006; Parola et al., 2005). 당시 비특이적 임상증상에 대한 감별 진단을 위해 실시한 항체 검사 상에서는 병원체를 확인하지 못하였으나, 동결보존되었던 참진드기에 대한 후향적 연구 결과 원인체를 확인할 수 있었다. 현재 *R. slovaca*는 홍반열의 병원체 그룹으로 구분되었으며, 이번 연구에서는 대만의 포유류, 몽골의 야생 조류, 그리고 인도네시아의 파충류에서 채집된 참진드기로부터 검출되었다. 기존의 보고에서 주로 *D. marginatus* 진드기에서 이 병원체가 확인되었던 것과는 다르게 대만의 *H. hystricis* 또는 *R. sanguineus*, 몽골의 *I. persulcatus*, 그리고 인도네시아의 *A. gervaisi* 또는 *A. varanense*에서 검출된 이번 연구의 결과는 이 병원체 매개 진드기의 다양성을 확인할 수 있었음에 큰 의의가 있고, 다양한 참진드기 종의 생활사와 관련 숙주 동물의 분포를 종합적으로 분석한다면 향후 질병의 감시 및 예방에 유용한 데이터를 제공할 수 있다. *Rickettsia tamurae*는 일본 홍반열과 유사한 반면 국소적인 피부염증을 유발하는 병원체이다(Ohashi et al., 2013). 일본의 멧돼지로부터 채집한 참진드기, 그리고 참진드기의 교상부 피부조직으로부터 이 병원체의 항원이 검출됨에 따라 *R. tamurae*의 보균 및 증폭자로서 멧돼지의 역할이 확

인된 바 있으며(Motoi et al., 2013), 2021년 한국에서 고라니를 흡혈한 참진드기에서 검출된 결과가 처음 보고되었다(Seo et al., 2021). 이번 연구에서는 국내 경기 북부, 충청북도, 울산 지역의 야생 포유류에서 병원체가 검출되었다. 해당 폴링 샘플에 속하는 참진드기가 채집되었던 동물의 종이 고라니, 너구리, 노루, 오소리임을 고려할 때, 각 샘플별 동일 동물에서 채집했던 잔여 참진드기에 대해 추가적인 PCR 분석을 통하여 병원체의 검출 및 계통 분석 후 역학적 관계를 가려볼 필요성이 있겠다.

또한 사람에서 병원성을 나타내는 세균으로는 *Francisella hispaniensis*가 검출되었는데, 이는 2003년 스페인의 사람 혈액으로부터 처음 분리되었으며, 인수공통감염병인 야토병의 원인체 *F. tularensis*와 99% 이상의 상동성을 보이는 병원체이다(Huber et al., 2010). 2020년 중국에서는 피부의 창상 부위에 대해 바닷물을 매개로 감염된 사례로부터 병원체를 검출하였던 보고가 있다(Zhou et al., 2020). 이 환자에서는 패혈증과 호흡 부전, 다발성 장기부전 증후군의 임상증상을 보였다. 이번 연구에서는 국내 대청도의 야생 조류, 파키스탄의 포유류, 인도네시아의 파충류에서 채집한 참진드기로부터 이 병원체가 확인되었다. 이 병원체의 병인론적인 정보나 전파 기전에 대한 정보는 매우 제한적이지만 국내·외 다양한 지역의 다양한 동물 종과 참진드기로부터 확인되었다는 점과 기존 보고 사례를 참고하면, 자연계에 순환하고 있을 가능성을 제시할 수 있겠다. 또한 감염 환자에서의 치명적인 임상 증상 발현의 사례를 보았을 때, 이에 대한 감시와 예찰의 필요성도 강조된다.

다. NGS 분석을 통해 검출된 주혈원충에 대한 고찰

국내·외에서 수집된 참진드기로부터 NGS 분석을 실시한 결과, 총 3과 5종의 주혈원충을 확인하였다(표 132-133). 국내의 야생 포유류에서 1과 2종, 국외의 야생동물 및 사육동물 중 포유류, 야생 조류, 파충류에서 각 1과 1종의 주혈원충을 확인하였다. 특히 인수공통감염병을 일으킬 수 있는 1종의 주혈원충, 그리고 동물에서 병원성을 보이는 2종의 주혈원충이 확인되었다.

이 연구에서 확인된 주혈원충 중 인수공통감염병을 유발할 수 있는 *Babesi microti*는 전 세계적으로 널리 분포하며, 미국에서 발생 보고되는 바베시아 감염증의 주된 원인체이다(Vannier and Krause, 2012). *B. microti*의 주된 매개체는 *I. scapularis* 진드기이며, 한국에서도 새로운 타입(KO1)에 대한 보고가 있다(Kim et al., 2007; Spielman, 1976). 감염된 진드기에 물린 지 4주 이내, 그리고 감염된 혈액을 수혈받은 지 9주 이내에 고열, 피로감, 구토, 황달, 용혈성 빈혈, 혈소판 감소증 등의 임상증상이 발현된다(Herwaldt et al., 2011). 이번 연구에서는 몽골의 야생 조류에서 채집한 참진드기로부터 이 주혈원충이 검출되었다. 몽골의 Selege 지역의 식생에서 채집한 63마리의 *I. persulcatus* 진드기 중 19마리(30.2%)에서 이 병원체가 확인되었다는 기존의 연구 결과를 참고할 때(Tuvshintulga et al., 2015), 몽골의 식생 뿐 아니라 동물에서도 이 주혈원충이 감염의 순환고리를 형성하고 있음을 추정할 수 있다. 국내의 경기 및 강원 지역에서 보균자로서 역할을 하는 야생동물의 감염 사례 또한 보고된 바 있기에(Hong), 이에 대한 지속적인 감시와 역학적 정보를 획득하는 것은 공중보건학적으로 중요한 과제가 되겠다.

한편 동물에서 병원성을 나타내는 종의 주혈원충 중 *Theileria luwenshuni*는 중국, 영국, 인도 등 세계적으로 널리 분포하며, 중국의 식생에서 채집된 *H. qunghaiensis* 진드기에 의해 소형 반추동물로 전파될 수 있는 병원체로 보고된 바 있다(Dhaygude et al., 2021; Cao et al., 2013; Phipps et al., 2016; Yin et al., 2002). 감염된 양에서 반추류 타일레리아 감염증(Cervine theileriosis)에 따른 기생충혈증을 일으키며, 2016년 이란의 양치기 개에서

도 양성 사례가 처음으로 보고된 바 있다(Gholami et al., 2016). 한국의 고라니에서도 높은 비율로 확인되는 진드기 매개 병원체라는 기존의 보고와 유사하게(Han et al., 2017), 이번 연구에서도 국내 강원, 경기 남부 및 북부, 충청북도 지역의 야생 포유류에서 채집된 참진드기로부터 고르게 확인되었다. 국내 소형 반추류 관련 축산업계의 생산성 감소를 예방하기 위해서라도, 해당 병원체에 대한 지속적인 감시와 예방 대책을 강구하는 것이 중요한 과제가 되겠다. *Hepatozoon canis* 또한 전 세계적으로 널리 분포하는 주혈원충으로, 개에 감염시 경증의 기생충혈증 상태에서는 무증상이나 중증인 경우에는 발열, 빈혈, 혈뇨 등을 동반한 치명적인 예후를 보이는 병원체이다(Ivanov et al., 2008) *R. sanguineus* 진드기가 주된 매개체이며, 감염된 참진드기를 개가 섭취함으로써 감염된다. 이번 연구에서는 필리핀의 포유류(소와 개)에서 채집한 참진드기로부터 이 병원체가 확인된 것은 개와 참진드기 간의 병원체의 순환 기전을 제시한다.

그 외 사람이나 동물에 병원성이 밝혀지지 않은 주혈원충이 확인되었는데, *Hepatozoon ophisauri*는 1908년 조지아의 무족도마뱀(European glass lizard, *Pseudopus apodus*)에서 처음 보고된 주혈원충이며, 2021년 이란 북부 무족도마뱀의 혈액에서도 확인된 바 있다(Zechmeisterova et al., 2021). 또한 말레이시아 보르네오 섬에 서식하는 설치류의 혈액에서 이 병원체가 검출되었지만(Perison et al., 2022) 병원체의 병원성이나 전파 기전에 대해서는 알려진 바가 없다. 이번 연구에서는 인도네시아의 파충류에서 채집한 참진드기에서 검출되었는데, 이는 동남아시아 지역 및 파충류 동물에서 병원체가 검출되었던 기존의 연구 결과를 뒷받침하는 결과로 볼 수 있겠다. 또한 *Theileria capreoli*는 이번 연구간 국내의 강원, 경기 북부, 울산 지역의 야생 포유류에서 채집한 참진드기 풀링 샘플로부터 확인되었다. 이 병원체는 포르투갈의 sika deer과 멧돼지 혈액, 그리고 헝가리의 소 농장에서 채집한 침파리(*Stomoxys calcitrans*)에서 병원체에 관련된 유전자 서열이 확인된 바 있지만 병원체에 대한 정보는 제한적이다(Hornok et al., 2020; Pereira et al., 2016). 다른 병원체와 마찬가지로, 현재까지 병원성이 알려지지 않았지만 다양한 동물 및 매개 절지동물에서 검출되는 병원체에 대해서는 역학적인 정보 획득의 중요성이 강조되고 지속적인 관심과 연구가 필요하겠다.

라. PCR 분석을 통해 검출된 바이러스에 대한 고찰

이번 연구에서 채집된 참진드기를 대상으로 PCR 검사를 통해 병원체를 분석한 결과에서 먼저 RNA 바이러스에서 양성이 검출된 병원체는 SFTSV, Langya V 그리고 CCHFV이다. 대청도, 흑산도에 머물던 철새에서 채집한 참진드기인 *Haemaphysalis concinna*, *Ixodes turdus*에서 양성이 검출된 SFTSV는 해마다 국내에서 발생하는 참진드기 매개 질병으로 높은 사망률과 함께 열성 질환을 동반하는 제3급 법정감염병이다. 국내에서 진행된 다른 연구 사례를 보면 국내를 포함하여 중국과 일본에서 번식하고 이동하는 철새에서 채집된 참진드기에서 SFTSV가 검출된 사례가 중국, 일본에서 발견된 SFTSV와도 계통학적으로 유사하다는 연구 결과를 토대로 보았을 때 철새가 SFTSV 확산의 잠재적 위험 요소로 추정할 수 있다고 판단한다(Yun et al., 2015). 또한, 강원 야생동물센터로부터 수령한 참진드기인 *Haemaphysalis longicornis*에서 검출된 Langya V는 2021년 중국에서 처음 보고된 신종 헤니파 바이러스로 국내 미보고 바이러스이다. 아직 전 세계적으로 확산된 상황은 아니지만 이 바이러스의 주요 전염경로가 동물에서 사람으로 전염되는 것과 큰 관련이 있다고 보고되었다(Piracha et al., 2023). 땃쥐가 주요 숙주로 추정하고 있으나 국내 야생 고라니에서 채집된 참진드기에서도 검출된 결과로 보았을 때, 참진드기를 통해 국내에서 전파될 가능성이 있다.

인도네시아의 소에서 채집한 참진드기인 *Haemaphysalis bispinosa*에서 검출된 CCHFV 역시 국내 미보고 바이러스이다. 2023년 보고된 연구에 따르면 1944년부터 2021년까지 아시아를 대상으로 CCHFV가 보고된 나라를 분석해보았을 때, 보고된 중국, 몽골, 미얀마, 베트남이었으며, 국내를 포함한 캄보디아, 인도네시아, 태국 등의 나라에서는 보고된 바가 없다 (Fereidouni et al, 2023). 주요 매개체로 *Hyalomma* 속 참진드기로 알려져 있으나 이번 연구에서는 인도네시아에서 채집한 *Haemaphysalis* 속 참진드기에서 CCHFV가 검출된 결과로 보아 기존에 알려진 *Hyalomma* 속 참진드기만 매개하는 것이 아닌 다른 종의 참진드기가 매개할 가능성도 고려해야 한다.

야생동물에서 채집한 참진드기에서도 다수의 세균이 검출되었다. 국내에서는 *Borrelia* spp. 중 *Borrelia miyamotoi*, *Borrelia garinii*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia turdi*, 국외에서는 *Borrelia theileri*, *Borrelia turcica* 가 확인되었다. 국내에서 확인된 네 가지의 세균 모두 인수공통전염병의 원인체로 참진드기를 매개로 발생하는 라임병 혹은 진드기 매개 재귀열을 야기시켜 사람에게 치명적인 병원성을 일으키는 것으로 알려져있다. 국외에서 확인된 *Borrelia* 종은 동물에서만 병원성을 야기하거나 혹은 아직 질병을 야기하는지 밝혀지지 않은 세균이기 때문에 추후 더 많은 조사가 이루어져야 할 것이다.

Rickettsia spp.는 국내에서는 *Rickettsia jingxinensis*, *Rickettsia monacensis*, *Rickettsia heilongjiangensis*, 국외에서는 *Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia helvetica*, *Rickettsia monacensis*, *Rickettsia tamurae*가 확인되었다. 이 중에서, *Rickettsia helvetica*는 사람에게 심각한 임상증상을 야기하는데 관절통, 박피열, 두통등을 유발하며 개와 고양이에서 채집한 참진드기에서 이 병원체가 검출된 보고도 있다(Scarpulla et al, 2018). *Rickettsia monacensis*는 인수공통전염병으로서 MSF-like illness (Mediterranean spotted fever-like illness)을 일으키는 것으로 알려져있다(Matei et al., 2021). *Rickettsia tamurae*는 사람에게 병원성을 일으키지는 밝혀지지 않았으나 2011년 일본에서 처음으로 멧돼지참진드기에 물려 피부염이 발생한 환자의 혈액과 피부 생검을 통해 조사한 결과 *Rickettsia tamurae* 가 확인되었다(Imaoka et al., 2011).

한편 국내, 국외 모두에서 검출된 *Ehrlichia chaffeensis*는 사람에게 혈액학적 이상과 간염과 유사한 징후를 동반하는 심한 열성질환을 유발하는 인수공통전염병이다. 다른 열성질환과 상당히 유사한 증상을 보이기 때문에 초기 진단을 내리기가 어려우며 백신이 존재하지 않아 합병증이나 사망으로 이어질 가능성이 높다 (Rikihisa, 2022).

참진드기를 포함하여 국내 야생동물센터에서 구조된 야생동물의 혈액과 비장에서 SFTS 바이러스와 다수의 DNA 병원체가 검출된 결과로 보았을 때 야생동물 또한 잠재적인 참진드기 매개 전파 위험성을 보유하고 있을 것으로 판단된다. 이번 연구에서 야생동물의 혈액과 비장을 분석한 결과, 검출된 병원체는 RNA 바이러스는 SFTSV, DNA 병원체는 *Anaplasma phagocytophilum*, *A. bovis*, *Borrelia theileri*, *Bartonella schoenbuchensis*, *Bartonella capreoli*, *Rickettsia* spp.이다. 최근 폴란드에서 발표한 연구에 따르면, 기후변화와 인구 증가로 인해 자유생활을 하는 동물과 가축, 그리고 사람사이의 접촉 빈도가 늘어나며 사람과 소의 아나플라즈마증 발병 위험이 높아졌다고 보고한 바 있다(Szewczyk et al, 2019). 또한 많은 야생 육식동물 중에 *Anaplasma phagocytophilum*이 검출되고 있는데, 이에 따라 야생 육식동물이 가축과 사람 사이의 병원체 전파에 핵심적인 역할을 할 수 있을 것이라는 가설을 두고 유병률 연구를 진행하였다. 자연에서 서식하는 너구리, 오소리, 여우, 담비류, 족제비의 비장을 Nested-PCR로 검사한 결과 전체 174개 중 55개에서 *Anaplasma*

*phagocytophium*이 검출되었으며, 전체 31.6%의 양성률이 나왔다(Szewczyk et al, 2019). *Anaplasma bovis*는 *Anaplasma phagocytophium* 과는 다르게 현재까지 인수공통전염병으로 고려되지 않고 있으며, 감염 시 치명적인 임상증상은 드러나지 않는 것으로 알려져 있다. 그러나 2019년 한국에서 발표된 연구에서 열성 질환과 함께 혈소판 감소증, 백혈구 증가증을 보이는 말에서 *Anaplasma bovis* 양성이 확인되었다. 이 연구를 통해 임상적 증상을 보이는 원인으로 *Anaplasma bovis*에 감염되었기 때문이라는 가능성을 제기함으로써 이 병원체 역시 인수공통질병으로 고려해야 할 필요가 있다(Seo et al, 2019). 이번 연구에서는 다양한 야생동물에서 *Anaplasma phagocytophilum*, *Anaplasma bovis*가 검출된 결과로 보아 야생동물이 병원체를 다양한 지역으로 전파할 가능성이 높을 것이라 생각한다.

*Borrelia theileri*는 소 보렐리아증의 원인체로 알려져 있으며, 아프리카, 호주, 유럽 등에서 발견된다(Faccini-Martinez et al, 2022). 남아프리카에서 발표된 연구에 따르면, 대형 및 중형 동물이 공유하는 진드기 종에 의해 교차 감염 및 *Borrelia theileri*를 포함하여 진드기 매개 병원체의 전파를 촉진하며 동물과의 접촉 기회가 많아진다면 진드기 매개 질병 전파가 늘어날 것이라 예상하고있다(Espinaze et al, 2018). *Bartonella schoenbuchensis*는 성충 *Lipoptena cervi* 파리(사슴파리)에서 분리된 세균이며, 쥐, 사슴, 노루 그리고 소에서 발견된 것으로 알려졌다. 현재 사람에게 사슴벌레 피부염이라는 임상증상을 일으키는 것으로 추정하고 있으나 명확하게 관여하는지의 여부는 밝혀지지 않았다(Regier et al, 2018). *Bartonella capreoli*는 *Bartonella schoenbuchensis*와 유전적으로 비슷한 특징이 있으며, 이 병원체 역시 야생동물에서 병원성을 유발하는 지는 알려져 있지 않았다. 반추동물에서 검출된 *Bartonella* 종은 계통학적으로 관련이 있으므로, *Bartonella capreoli*가 야생동물에 미치는 영향과 사람에게 병원성을 야기하는지 파악하기 위해서는 추가 조사가 이루어져야 한다(Bai et al, 2011).

(5) 결론

참진드기가 매개할 수 있는 병원체의 분석을 위하여 NGS를 활용한 이번 연구에서는 빠르고 다양한 유전적 변이로 인해 새로이 등장할 수 있는 신종 바이러스성 병원체를 확인하기 위해, 특정한 위치가 아닌 전체 유전자 서열 중 파편화된 서열, 혹은 관련 서열끼리 연결된 전체 서열을 확인할 수 있는 de novo assembly 분석법을 적용하였고, 그 결과 다양한 바이러스를 확인할 수 있었다. 이 중 조합된 염기서열(contig)의 참조서열에 대한 coverage는 높으나 identity가 낮은 바이러스에 대해서는 PCR 또는 같은 풀의 다른 참진드기를 이용한 추가적인 분석을 통해 전장유전자서열을 확인 후 identity 비교를 통해 신종 바이러스로서 분류될 수 있을 것이다. 특히, 실제로 유전정보를 복제, 전파 및 감염에 관여하는 유전자가 함께 확인된다면 이 연구 결과에 대한 더 높은 신뢰성을 확보할 수 있을 것이다. 반면 세균과 주혈원충은 각각의 정해진 목표 부위(target site)인 16S V3-V4 및 18S에 대해 프라이머를 설정하여 증폭된 유전자 단편을 생성하고, 해당 부분의 유전자 서열을 참조서열과 비교하여 병원체 분석을 진행하였다. 그 결과, 기존에 진드기 매개 병원체로서 알려진 세균 또는 주혈원충과 동일한 과에 속하지만, 기존에 진드기 매개 병원체로서 확인 및 분류되지는 않았던 세균 또는 주혈원충을 확인할 수 있었으며, 예상하지 못했던 병원체의 검출에 따른 병인론 및 역학적 분석을 위한 기초 자료로 활용될 수 있기에 의미있는 연구 결과로 판단된다.

다만 이번 NGS 분석을 수행 중에는 대조군을 설정하지 못하였는데, 향후 연구에서는

germ-free 참진드기 또는 water control 등의 대조군을 함께 분석함으로써, 실험 과정에서 일반적으로 확인될 수 있는 유전 정보를 배제할 수 있는 기준을 설정하고 통계적인 분석을 통해 보다 신뢰성 있는 연구 결과를 볼 수 있을 것으로 생각된다.

또한 이번 NGS 분석을 수행하면서 참진드기의 지역별 및 동물별(포유류, 조류 및 파충류)로만 구별하여 풀링 샘플을 구성하였으나, 후속 연구에서는 특정 동물 종별로 풀링 샘플(예: 횡등새에서 채집한 참진드기 20마리를 1개의 풀링 샘플로 구성)을 구성하는 전략을 통해, 해당 동물의 종 특이적 이동 경로에 따라 병원체의 전파 가능성을 예측하는 데, 보다 더 유용한 정보를 얻을 수 있을 것으로 판단된다. 또한 제한된 연구기간 내 확보된 참진드기의 일부에 대해 NGS 분석을 진행하였으나, 향후 참진드기뿐 아니라 해당 참진드기를 채집했던 해당 동물의 혈액 또는 조직을 함께 확보하여 종합적인 분석을 진행된다면, 병원체의 특성 및 전파 기전에 대해 유의미한 정보를 제공할 수 있을 것이다.

참진드기 매개 질환에 대한 상용화된 백신이나 뚜렷한 치료법이 있지 않은 현 상황에서 무엇보다 중요한 것은 질병 발생에 대비한 예방과 지속적인 조사다. 이번 연구기간 동안 PCR을 활용하여 검출한 병원체들은 인수공통감염병으로서 참진드기를 매개로 사람에게 경증에서 중증까지의 임상증상을 보이는 병원체도 있는 반면, 아직 연구가 진행되지 않아 병원성을 일으키는지 혹은 인수공통감염병 위험성이 불명확한 병원체도 존재하는 실정이다. 참진드기 매개 질병 확산에 대응하기 위해서는 유전자 분석, 바이러스 분리 및 확인 동정과 충분한 샘플이 필요하다.

본 연구에서는 처음으로 중국에서 국내로 유입되는 철새로부터 채집한 참진드기에서 2건의 SFTSV가 검출되었으며, 국내 고라니에서 채집한 참진드기에서 국내 미보고 바이러스인 랑야(Langya) 바이러스가 검출되었다. 또한, 인도네시아의 소 목장에서 채집한 참진드기에서 CCHFV가 처음으로 검출되었다. 이 연구 결과는 국경간의 이동 제한이 없는 철새가 바이러스 확산 원인으로 고려해볼 수 있으며, 국내에도 신규 참진드기 매개 질병 유입 가능성이 충분하다는 것을 시사한다. 기존에 주요 매개체로 알려진 참진드기의 종뿐만 아니라 다른 참진드기 종에서도 질병이 매개될 가능성이 있다. 또한 기후변화와 산업화로 인해 발생하는 야생동물 서식지 감소 및 파괴로 인해 야생동물과 접촉할 기회가 잦아지며 야생동물과 사람 사이에서 발생하는 2차감염 역시 충분히 발생할 수 있을 것으로 판단한다. 그러나 이러한 2차감염의 전염경로는 명확하게 밝혀진 바가 없어 많은 조사가 필요하다. PCR를 활용한 이번 연구에서는 짧은 연구기간 동안 다양한 국외지역에서 채집한 참진드기와 국내 야생동물의 혈액, 비장 조직을 분석하여 다양한 참진드기 매개 병원체를 검출하였다. 야생 고라니의 비장 조직에서 SFTSV 병원체 확보를 통해 치료제, 백신 개발에 기여를 할 것이라 기대한다. 본 연구를 통해 국내로 유입할 가능성이 있는 신규 참진드기 매개 질환에 대한 사전예방 시스템 구축과 2차 감염으로 인한 피해를 최소화하기 위한 효율적인 전략을 제공할 수 있을 것으로 예상된다.

다만 NGS와 PCR 분석법을 적용하여 검출된 병원체를 확인한 이 연구 결과를 해석함에 있어, 해당 병원체들이 참진드기를 매개하여 생활사 또는 전파 고리를 형성하고 있는지에 대한 정보가 다소 제한적임을 확인하였다. 이번 연구에서는 동물을 흡혈한 참진드기를 이용하여 분석하였는데, 분석 결과 확인된 병원체가 단순히 참진드기가 흡혈하여 체내에 머금고 있는 혈액에 남아있던 병원체가 우연히 검출된 것인지, 혹은 그 병원체가 실제로 참진드기 내에서 보존되거나 증폭되어서 참진드기 매개 병원체로서의 특성을 가지고 있는지의 여부는 추가적인 연구를 통해 확인할 필요가 있겠다.

2019년 범국가적 유행성 감염병으로 대혼란을 주었던 COVID-19 사태 이후로 신종 감염

병, 일명 “Disease X”에 대한 연구의 필요성과 관심이 증가하고 있다. 기존에 알려진 진드기 매개 병원체의 전파 경로가 더욱 복잡해지는 현 상황뿐만 아니라, 향후 새롭게 등장할 가능성이 있는 “진드기 매개성 Disease X”에 대해서도 국내·외 관련 연구기관의 협력을 통한 다학제적이고, 장기적인 연구가 필요할 것으로 판단된다.

3-2. 정량적 연구개발성과

< 정량적 연구개발성과표 >

(단위 : 건, 천원)

성과지표명		연도	1단계 (2022.04~2023.12)	n단계 (YYYY~YYYY)	계	가중치 (%)
전담기관 등록·기탁 지표 ¹⁾	논문	목표(단계별)	3		3	
		실적(누적)	2		2	
	학술발표	목표(단계별)	3		3	20
		실적(누적)	10		10	
	특허	목표(단계별)	2		2	60
		실적(누적)	2		2	
	저작권	목표(단계별)	0		0	
		실적(누적)	1		1	
연구개발과제 특성 반영 지표 ²⁾	고용효과	목표(단계별)	0		0	
		실적(누적)	1		1	
	인력양성	목표(단계별)	1		1	10
		실적(누적)	1		1	
	홍보	목표(단계별)	1		1	10
		실적(누적)	14		14	
	국제화협력	목표(단계별)	6		6	
		실적(누적)	10		10	
계						

3-3. 세부 정량적 연구개발성과

[과학적 성과]

□ 논문(국내외 전문 학술지) 게재

번호	논문명	학술지명	주저자명	호	발행기관	SCIE 여부	게재일	등록번호 (ISSN)	기여율
1	Serologic and molecular prevalence of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus among poultry in the Republic of Korea	Vector-Borne and Zoonotic Diseases	임 외 5명	23	Mary Ann Liebert Inc. (USA)	SCIE	2023.11.28	1530-3667	100
2	Ixodid ticks from wild and domestic animals in East and Central Asian flyways	Acta Tropica	변 외 20명	249	Elsevier	SCIE	2023.12.6	0001-706X	100

□ 국내 및 국제 학술회의 발표

번호	회의 명칭	발표자	발표 일시	장소
1	2022 한국조류학회 추계학술대회	최 , 남 , 채 , 강 , 박	2022.09.29.	대한민국, 신안군
2	10 th Tick and Tick-borne Pathogen Conference	채, 한, 류, 임	2022.08.29.	루마니아, Murighiol

3	International Conference on Health Security	채준석	2023.03.14.	파키스탄, Lahore
4	2023 SNU International Symposium	최, 채, 남, 박, 강, 서	2023.06.09.	대한민국, 서울
5	2023 SNU International Symposium	채, 류, 지, 한, 최 남, 서, Mo-, Re-, Bu-, Ana-, Mu-, Sh-, Tu-, Ny-	2023.06.09.	대한민국, 서울
6	2023 SNU International Symposium	채	2023.06.09.	대한민국, 서울
7	1 st International Symposium of Wildlife Diseases Research Network (WDRN)	최, 채, 남, 박, 강, 서	2023.06.28.	중국, Hainan
8	29 th International Conference of the World Association for the Advancement of Veterinary Parasitology (WAAVP)	채, 류, 한, 지, 최, Bu-, Hi- Ka-, Re-, la-, Sh-, Sh-, Tuv-, Ny-, Mu-	2023.08.28.	인도, Chennai
9	2023 대한수의학회 추계국제학술대회	지, 류, 변, 한, 서, 최, 남, 채, Bu-, Hi-, Mo-, An-, Re-, la-, Sh-, Sh-, Tu-, Ny-, Sh-, No-, An-, Ya-, Mu-	2023.11.30.	대한민국, 제주
10	2023 대한수의학회 추계국제학술대회	변, 지, 류, 한, 최, 채	2023.11.30.	대한민국, 제주

[기술적 성과]

□ 지식재산권(특허, 실용신안, 의장, 디자인, 상표, 규격, 신품종, 프로그램)

번호	지식재산권 등 명칭 (건별 각각 기재)	국명	출원				등록			기여율	활용여부
			출원인	출원일	출원번호	등록번호	등록인	등록일	등록번호		
1	특허출원	휴대용 조류 포획트랩	최, 서, 남, 박	2023.05.12.	10-2023-0061677				100		
2	특허출원	휴대용 참진드기 포획트랩	최, 서, 남, 박	2023.11.03.	10-2023-0150612				100		

□ 저작권(소프트웨어, 서적 등)

번호	저작권명	창작일	저작자명	등록일	등록 번호	저작권자명	기여율
1	Transmission of the Emerging Tick-borne Diseases along the Migratory Flyway (서적-단행본)	2023.06.09.	최, 채, 남, 류	2023.06.09	ISBN 978-89-9243 5-81-9	최, 채, 남, 류	100

[경제적 성과]

□ 고용 효과

구분			고용 효과(명)
고용 효과	개발 전	연구인력	
		생산인력	
	개발 후	연구인력	1
		생산인력	

[사회적 성과]

□ 전문 연구 인력 양성

번호	분류	기준 연도	현황										
			학위별				성별		지역별				
			박사	석사	학사	기타	남	여	수도권	충청권	영남권	호남권	기타
1		2022		1				1	1				

□ 국제화 협력성과

번호	구분 (유치/파견)	기간	국가	기관	전공	내용
1	국제공동연구협정	2022.08.08.-2027.08.07.	태국	Chulalongkorn U	수의학	공동조사, 연구원 교환, 정보 및 시료 교환, 상호 심포지엄/워크 샵/세미나 참석
2	국제공동연구협정	2022.08.12.-2023.12.31.	몽골	Wildlife Science and Conservation Center of Mongolia	보전생태학	
3	국제공동연구협정	2022.11.23.-2023.12.31.	홍콩	Hong Kong Birdwatching Society	보전생태학	
4	국제공동연구협정	2022.12.07.-2028.12.06.	필리핀	Philippines Los Baños U	수의학	
5	국제공동연구협정	2022.12.15.-2028.12.14.	베트남	Vietnam National U of Agriculture	수의학	
6	국제공동연구협정	2022.12.31.-2023.12.31.	일본	Tokai U	생물학	
7	국제공동연구협정	2023.01.26.-2028.01.25.	인도네시아	Gadjah Mada U	수의학	
8	국제공동연구협정	2023.03.13.-2028.03.12.	파키스탄	U Veterinary and Animal Sciences	수의학	
9	국제공동연구협정	2023.04.28.-2028.04.27.	대만	National Taiwan U	수의학	
10	국제공동연구협정	2023.06.07.-2028.06.06.	베트남	Nong Lam U	수의학	

□ 홍보 실적

번호	홍보 유형	매체명	제목	홍보일
1	기타	워크샵 개최	동아시아 철새이동경로상의 신규 진드기매개 바이러스성 인수공통질병에 대응하기 위한 국제협력 워크샵	2022.11.03.
2	해외일반지	Newswire Pakistan	UVAS inks MoU with College of Veterinary Medicine, Seoul National University of Korea for academic and scientific cooperation	2023.03.13.
3	해외일반지	The Express Tribune	UVAS signs MoU for scientific research: Agreement aims to facilitate scientific, academic cooperation with South Korean university	2023.03.14.
4	해외일반지	The News International	UVAS, Seoul Varsity sign MoU for scientific cooperation	2023.03.14.
5	해외일반지	Pakistan Observer	UVAS, SNU ink MoU for academic & scientific coop	2023.03.14.
6	해외전문지	Technology Times	Conference On Health Security Urges Intl' Collab For Health Security Risks	2023.03.16.
7	해외일반지	The Nation	Minister for working on dairy sector to enhance milk, meat production: Calls for development of livestock sector	2023.03.17.
8	기타	심포지엄 개최	Transmission of the Emerging Tick-borne Diseases along the Migratory Flyway	2023.06.09.
9	중앙TV방송	MBC	[뉴스데스크] '살인진드기' 바이러스 철새에서 첫 발견, 방역망 뚫고 퍼지나?	2023.06.08.
10	중앙TV방송	MBC	[뉴스데스크] 기후환경리포트: 하늘에서 바이러스가 후두둑, 신종 전염병의 공습	2023.06.26.
11	중앙전문지	데일리벳	'철새따라 진드기매개감염병 퍼지나' 6월 9일 서울대 심포지엄	2023.05.23.
12	중앙전문지	데일리개원	'2023 서울대 국제심포지엄' 6월 9일	2023.05.22.
13	기타	워크샵 개최	2023 Workshop for Developing a network against emerging infectious diseases along the East Asian Migratory Flyway	2023.10.29.
14	기타	Youtube	General Lecture by Prof. Joon-seok Chae, DVM, PhD	2023.03.06

3-4. 목표 달성 수준

추진 목표	달성 내용	달성도(%)
○ 국제협력 네트워크 구축	<ul style="list-style-type: none"> ○ 국제공동연구협정을 통해 9개국 10개소와 네트워크 구축 (당초 목표 6개국 7개소) ○ 효율적, 지속적인 네트워킹을 위한 워크숍, 심포지엄 총 3회 개최 (당초 목표 3회) 	○ 100
○ 질병 매개체 시료 확보	<ul style="list-style-type: none"> ○ 국내 7개 야생동물 연구기관, 국외 9개국 10개 연구기관으로부터 2022년 9,823개체, 2023년 13,003개체의 진드기 시료 확보 (당초 목표 연간 300개체) ○ 효율적인 시료 확보를 위한 특허기술 2건 출원 (당초 목표 2건) 	○ 100
○ 질병 분석 및 병원체 분리, 확보	<ul style="list-style-type: none"> ○ NGS 분석법을 이용하여, 국내·외 철새를 포함한 105마리의 동물로부터 채집한 참진드기 433마리로 구성된 22개 풀링 샘플에서 23과 54종의 바이러스, 6과 18종의 세균과 3과 5종의 주혈원충을 검출(당초 목표 NGS를 이용한 병원체 분석) ○ 1,279마리 참진드기를 대상으로 5종의 진드기 매개 바이러스와 5종의 세균, 2종의 주혈원충에 대한 PCR 분석 14,345건을 진행하여 항원양성률 1.80%를 확인하였고, 국가/지역/동물별 참진드기/동물 혈액/동물 비장에 대한 병원체별 항원양성률 데이터 확보 및 계통 분석을 통해 항원/항체 키트개발을 위한 자료 확보(당초 목표 임상 검체에 대한 항원/항체 키트개발을 위한 자료 구축) ○ 국내 고라니의 비장으로부터 SFTS 바이러스를 PCR로 검출하고, Vero E6 세포주를 이용하여 1건의 SFTS 바이러스 분리 확보 완료(당초 목표 병원체 분리 확보) 	○ 100

4. 목표 미달 시 원인분석 - 해당사항 없음

5. 연구개발성과의 관련 분야에 대한 기여 정도

본 연구 과제로 구축된 국제협력 네트워크를 통해 환경변화에 따른 진드기 매개질병의 확산과 전파에 관한 장기적인 모니터링이 가능하다. 지구온난화 등의 기후변화는 진드기 매개질병의 전파 방향과 확산에 영향을 미치나, 장기적인 환경변화에 따른 질병의 전파, 확산을 모니터링하고, 그 효과를 분석하는 데는 중장기간의 기간이 소요된다. 따라서 향후 장기적인 진드기매개질병의 확산과 전파, 유입의 예찰을 위해 본 과제에서 구축한 네트워크를 활용하는 것이 가능하다.

본 연구를 통해 새롭게 등장하고 있는 수의학적, 질병생태학적 정보를 국제적으로 수집, 활용, 분석할 수 있는 전문인력을 양성하였으며, 연구 및 교육 기회가 제한된 동아시아, 동남아시아 국가 연구자들에 대한 지원을 통해 동아시아 철새이동경로 상 진드기매개 인수공통감염병 관련 연구역량을 증가하였다. 또한 인력과 비용을 절감할 수 있는 효율적인 시료 수집 기술을 개발하여 향후 더욱 다양한 지역의 연구진들이 네트워크로 편입될 수 있는 기초를 제공하였다.

본 연구에서는 NGS 분석법을 적용하여 참진드기를 매개로 전파될 수 있는 다양한 병원체를 검출하였으며, 특히 공중보건학적 위협이 될 수 있는 바이러스, 세균 및 주혈원충 종들을 확인하였다. 이를 통해 기존에 공중보건학적 위협 요인으로 알고 있는 병원체뿐만 아니라 새로이 출현하였거나 점차 동아시아로 확산되는 참진드기매개병원체의 감시 예찰이 가능하다. PCR 분석을 통한 참진드기매개병원체의 진단법의 확립을 통해 지속적인 유행을 조사뿐만 아니라 각 병원체의 계통분석을 기반으로 한 역학적 특성을 판단하는 데 유용한 자료를 제공할 수 있다. 또한 국내·외에서 수집된 임상시료(참진드기와 동물의 혈액 및 비장)를 대상으로 실시한 PCR 분석 결과 데이터와 연구수행시 확보한 SFTS 바이러스의 분리주를 이용하여 향후 항원/항체 진단키트, 치료제 및 백신 개발을 위한 자료로써 활용할 수 있다.

6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획

국제적인 네트워크 구성을 통한 국가 간의 정보 교류 및 병원체 확보를 통한 해외전염병의 선제적인 연구에 활용할 수 있다. 구축된 네트워크를 통해 야생동물-인간 사이의 인수공통 전염병 전파 메커니즘에 대한 광범위한 규모의 연구가 가능하다. 또한 본 연구과제중 개발한 효율적인 철새, 진드기 포획 기술은 인력과 예산이 부족한 지역에서도 네트워크 참여를 용이하게 할 수 있다. 다학제적 연구를 통해 철새 이동을 통한 SFTS의 전파를 확인하기 위해 본 연구에서 사용한 방법론과 확보한 결과는 SFTS, Heartland virus(HRTV) 감염증 등 새롭게 발생하는 신규 TBD에 대한 대응과 향후 위험요인 기반 질병예찰 (risk-based disease surveillance), 보건정책 결정 지원 등에 활용될 수 있다.

본 과제에서 구축한 네트워크는 국내 질병 유입 전 감시 및 예찰 체계의 바탕이 될 수 있다. 시료 확보를 통해 동아시아 철새 이동경로상의 병원체의 focal point를 확인하고, 서로 다른 야생 철새와 서식지에 기생하는 외부 기생충에 대한 감시를 통해 잠재적 매개체와 질병을 식별하고, 그 풍부함과 유병률을 이해하며, 외래 매개체가 변화하는 환경에 도입될 가능성에 대한 참조 정보를 개발하는 데 활용할 수 있다.

본 연구에서 적용한 NGS 분석법은, 국외에서 국내로 유입이 예상되거나, 또는 미처 예상하지 못한 진드기 매개 병원체의 유입에 대한 선제적 감시를 위해 적용할 수 있다. 또한 주요 진드기 매개 병원체의 PCR 진단법을 확립하였고, 이는 향후 지속적인 감시·예찰에 적극적으로 활용할 수 있다. 본 연구 과정에서 분리 및 확보한 병원체(SFTS 바이러스)는 항원 및 항체 검사(PCR, IFA 또는 ELISA)를 통해 항원/항체 진단키트, 치료제 및 백신 개발을 위한 자료를 구축하는 데 기초가 될 것이다.

< 연구개발성과 활용계획표 >

구분(정량 및 정성적 성과 항목)		연구개발 종료 후 5년 이내	
국외논문	SCIE	2	
	비SCIE		
	계	2	
국내논문	SCIE		
	비SCIE	1	
	계	1	
특허출원	국내		
	국외		
	계		
특허등록	국내	1	
	국외		
	계	1	
인력양성	학사		
	석사	2	
	박사		
	계	2	
사업화	상품출시		
	기술이전		
	공정개발		
제품개발	시제품개발		
비임상시험 실시			
임상시험 실시 (IND 승인)	의약품	1상	
		2상	
		3상	
	의료기기		
진료지침개발			
신의료기술개발			
성과홍보			
포상 및 수상실적			
정성적 성과 주요 내용			

< 참고 문헌 >

- 럼피스킨병(LSD) 국내 첫 발생, 확산 차단에 총력[Internet]. 세종: 농림축산식품부; https://www.mafra.go.kr/sn3hcv_v2023/skin/doc.html?fn=D7A6D8FC-31E2-0E97-F0A1-535D81BDD2B7.pdf&rs=/sn3hcv_v2023/atcmmnfl/bbs/202401/. Updated 2023. Accessed 2024 Jan 22.
- Alkan C, Bichaud L, de Lamballerie X, Alten B, Gould EA and Charrel RN. Sandfly-borne phleboviruses of Eurasia and Africa: Epidemiology, genetic diversity, geographic range, control measures. *Antivir Res.* 2013;100:54-74.
- Amicizia D, Domnich A, Panatto D, Lai PL, Cristina ML, Avio U, and Gasparini R. Epidemiology of tick-borne encephalitis (TBE) in Europe and its prevention by available vaccines. *Hum vaccin immunother.* 2013;9(5):1163-1171.
- Anderson A, Bijlmer H, Fournier PE, Graves S, Hartzell J, Kersh GJ, et al. Diagnosis and management of Q fever-United States, 2013: recommendations from CDC and the Q Fever Working Group. *MMWR Recomm Rep.* 2013;29;62:1-30.
- Appannanavar SB and Mishra B. An update on Crimean Congo hemorrhagic fever. *J Glob Infect Dis.* 2011;3:285-292.
- Arab-Bafrani Z, Jabbari A, Mostakhdem Hashem M, Arabzadeh AM, Gilanipour A, and Mousavi E. Identification of the crucial parameters regarding the efficacy of ribavirin therapy in Crimean-Congo haemorrhagic fever (CCHF) patients: a systematic review and meta-analysis. *J Antimicrob Chemother.* 2019;74(12):3432-3439.
- Atyame CM, Delsuc F, Pasteur N, Weill M, and Duron O. Diversification of *Wolbachia* endosymbiont in the *Culex pipiens* mosquito. *Mol Biol Evol.* 2011;28:2761-2772.
- Babiuk S, Bowden TR, Boyle DB, Wallace DB and Kitching RP. Capripoxviruses: an emerging worldwide threat to sheep, goats and cattle. *Transbound Emerg Dis.* 2008;55:263-272.
- Bai Y, Cross PC, Malania L, Kosoy M. Isolation of *Bartonella capreoli* from elk. *Vet Microbiol.* 2011;148:329-332.
- Bakshi S, Holzer B, Bridgen A, McMullan G, Quinn DG and Baron MD. Dugbe virus ovarian tumour domain interferes with ubiquitin/ISG15-regulated innate immune cell signaling. *J Gen Virol.* 2013;94:298-307.
- Barlough JE, Madigan JE, DeRock E, Bigornia L. Nested polymerase chain reaction for detection of *Ehrlichia equi* genomic DNA in horses and ticks (*Ixodes pacificus*). *Vet Parasitol.* 1996;63: 319-329.
- Basu AK and Charles RA. Ticks of Trinidad and Tobago-an overview; Academic Press; 2017, Chapter 1, A general account of ticks;1-33.
- Bedekar SD and Pavri KM. Studies with Chikungunya virus. II. Serological survey of humans and animals in India. *Indian J Med Res.* 1969;57:1193-1197.
- Begum F, Wisseman CL Jr, and Casals J. Tick-borne viruses of West Pakistan. IV.

- Viruses similar to or identical with, Crimean hemorrhagic fever (Congo–Semunya), Wad Medani and Pak Argas 461 isolated from ticks of the Changa Manga Forest, Lahore District, and of Hunza, Gilgit Agency, W. Pakistan. *Am J Epidemiol.* 1970;92:197–202.
- Bellezza CA, Sexton S, Curtin LI, Concannon PW, Baldwin BH, Graham LA, et al. The laboratory woodchuck (*Marmota monax*). In: Fox JG, Anderson LC, Otto GM, Pritchett–Corning KR, and Whary MT, editors. *American College of Laboratory Animal Medicine, Laboratory Animal Medicine.* 3rd ed. Cambridge; 2015, 351–386.
- Belobo JTE, Kenmoe S, Kengne–Nde C, Emoh CPD, Bowo–Ngandji A, Tchatchouang S, et al. Worldwide epidemiology of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus in humans, ticks and other animal species, a systematic review and meta–analysis. *PLoS Negl Trop Dis.* 2021;15(4):e0009299.
- Bente DA, Forrester NL, Watts DM, McAuley AJ, Whitehouse CA, and Bray M. Crimean–Congo hemorrhagic fever: history, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. *Antiviral Res.* 2013;100:159–189.
- Bergqvist C, Kurban M, and Abbas O. *Orf virus* infection. *J Med Virol.* 2017;27:e1932.
- Bermúdez SE, Armstrong BA, Domínguez L, Krishnavajhala A, Kneubehl AR, Gunter SM, et al. Isolation and genetic characterization of a relapsing fever spirochete isolated from *Ornithodoros puertoricensis* collected in central Panama. *PLoS Negl Trop Dis.* 2021;15(8):e0009642.
- Binetruy F, Garnier S, Boulanger N, Talagrand–Reboul É, Loire, E, Faivre B, et al. A novel *Borrelia* species, intermediate between Lyme disease and relapsing fever groups, in neotropical passerine–associated ticks. *Sci Rep.* 2020;10:10596.
- Bogovic P and Strle F. Tick–borne encephalitis: A review of epidemiology, clinical characteristics, and management. *World J Clin Cases.* 2015;3:430–431.
- Booth TF, Gould EA and Nuttall PA. Structure and morphogenesis of Dugbe virus (*Bunyaviridae, Nairovirus*) studied by immunogold electron microscopy of ultrathin cryosections. *Virus Res.* 1991;21:199–212.
- Booth TF, Marriott AC, Steele GM and Nuttall PA. Dugbe virus in ticks: histological localization studies using light and electron microscopy. *Arch Virol.* 1990;1:207–218.
- Brahma RK, Dixit V, Sangwan AK and Doley R. Identification and characterization of *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* and *Haemaphysalis bispinosa* ticks (Acari: Ixodidae) of North East India by ITS2 and 16S rDNA sequences and morphological analysis. *Exp. Appl. Acarol.* 2014;62:253–265.
- Bratuleanu BE, Raileanu C, Chrétien D, Guardado–Calvo P, Bigot T, Savuta G, et al. A Search for Tick–Associated, Bronnoya–like Virus Spillover into Sheep. *Microorganisms.* 2023;11:209.
- Brault AC, Savage HM, Duggal NK, Eisen RJ and Staples JE. Heartland virus epidemiology, vector association, and disease potential. *Viruses.* 2018;10:498.
- Bricker TL, Shafiuddin M, Gounder AP, Janowski AB, Zhao G, Williams GD, et al. Therapeutic efficacy of favipiravir against Bourbon virus in mice. *PLoS Pathog.*

- 2019;15:e1007790.
- Brown HM, Berghaus RD, Latimer KS, Britt JO, Rakich PM and Peterson DS. Genetic variability of *Cytauxzoon felis* from 88 infected domestic cats in Arkansas and Georgia. *J Vet Diagn Invest.* 2009;21:59–63.
- Burt FJ, Leman PA, Smith JF, Swanepoel R. The use of a reverse transcription–polymerase chain reaction for the detection of viral nucleic acid in the diagnosis of Crimean–Congo haemorrhagic fever. *J Virol Methods.* 1998;70:129–137.
- Calisher CH and Calzolari M. Taxonomy of phleboviruses, emphasizing those that are sandfly–borne. *Viruses.* 2021;13(5):918.
- Cao S, Zhang S, Jia L, Xue S, Yu L, Kamyngkird K, et al. Molecular detection of *Theileria* species in sheep from northern China. *J Vet Med Sci.* 2013;75(9):1227–1230.
- Carrade DD, Foley JE, Borjesson DL, and Sykes JE. Canine granulocytic anaplasmosis: a review. *J Vet Intern Med.* 2009;23(6):1129–1141.
- Causey OR. In supplement to the catalogue of arthropod–borne viruses. *Am J Trop Med Hyg.* 1970;19:1123–1124.
- Celli J and Zahrt TC. Mechanisms of *Francisella tularensis* intracellular pathogenesis. *Cold Spring Harb Perspect Med.* 2013;3:a10314.
- Chae JS, Kim CM, Kim EH, Hur EJ, Klein TA, Kang TK, et al. Molecular epidemiological study for tick-borne disease (*Ehrlichia* and *Anaplasma* spp.) surveillance at selected US military training Sites/Installations in Korea. *Ann N Y Acad Sci.* 2003;990:118–125.
- Chang WH. Current status of tsutsugamushi disease in Korea. *J Korean Med Sci.* 1995;10:227–238.
- Chapman AS, Bakken JS, Folk SM, Paddock CD, Bloch KC, Krusell A, et al. Diagnosis and management of tickborne rickettsial diseases: Rocky Mountain spotted fever, ehrlichioses, and anaplasmosis–United States: a practical guide for physicians and other health–care and public health professionals. *MMWR Recomm Rep.* 2006;55:1–27.
- Chiffi G, Grandgirard D, Leib SL, Chrdle A and Ružek D. Tick-borne encephalitis: A comprehensive review of the epidemiology, virology, and clinical picture. *Rev Med Virol.* 2023;33:e2470.
- Chihota C, Rennie L, Kitching R and Mellor P. Mechanical transmission of lumpy skin disease virus by *Aedes aegypti* (Diptera:Culicidae). *Epidemiol Infect.* 2001;126:317–321.
- Cho BK, Nam HW, Cho SY and Lee WK. A case of tick bite by a spontaneously retreated *Ixodes nipponensis*. *Korean J Parasitol.* 1995;33:239–242.
- Choe HC, Fudge M, Sames WJ, Robbins RG, Lee IY, Chevalier NA, et al. Tick surveillance of dogs in the Republic of Korea. *Syst Appl Acarol.* 2011;16(3):215–222.
- Choe SE, Nguyen TTD, Hyun BH, Noh JH, Lee HS, Lee CH, et al. Genetic and phylogenetic analysis of South Korean sacbrood virus isolates from infected

- honey bees (*Apis cerana*). Vet Microbiol. 2012;157:32–40.
- Choi CY, Kang CW, Kim EM, Lee S, Moon KH, Oh MR, et al. Ticks collected from migratory birds, including a new record of *Haemaphysalis formosensis*, on Jeju Island, Korea. Exp Appl Acarol. 2014;62:557–566.
- Choi CY, Kang CW, Yun YM, and Nam HY. Can we blame migratory birds for transmission of the emerging severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in East Asia? Am J Trop Med Hyg. 2015;93(6):1391–1392.
- Choi CY, Kim HC, Klein TA, Nam HY, and Bing GC. Introduction of non-native ticks collected from fresh migratory bird carcasses on a stopover island in the Republic of Korea. Korean J Parasitol. 2022;60(1):1–7.
- Cleveland DW, Anderson CC, Brissette CA. *Borrelia miyamotoi*: A Comprehensive Review. Pathogens, 2023;12:267.
- Collares-Pereira M, Couceiro S, Franca I, Kurtenbach K, Schafer SM, Vitorino L, et al. First isolation of *Borrelia lusitaniae* from a human patient. J Clin Microbiol. 2004;42(3):1316–1318.
- Comstedt P, Bergström S, Olsen B, Garpmo U, Marjavaara L, Mejlom H, et al. Migratory passerine birds as reservoirs of Lyme borreliosis in Europe. Emerg Infect Dis. 2006;12(7):1087.
- Cornet JP, Georges AJ and Gonzalez JP. Transovarian transmission of Dugbe virus in *Amblyomma variegatum* ticks. Annales de l'Institut Pasteur / Virologie. 1987;138:269–271.
- Cross R, Ling C, Day NP, McGready R and Paris DH. Revisiting doxycycline in pregnancy and early childhood—time to rebuild its reputation? Expert Opin Drug Saf. 2016;15:367–382.
- Cutler S, Vayssier-Taussat M, Estrada-Peña A, Potkonjak A, Mihalca AD, and Zeller H. A new *Borrelia* on the block: *Borrelia miyamotoi*—a human health risk? Euro Surveill. 2019;24(18):1800170.
- Dahlgren FS, Mandel EJ, Krebs JW, Massung RF and McQuiston JH. Increasing incidence of *Ehrlichia chaffeensis* and *Anaplasma phagocytophilum* in the United States, 2000–2007. Am J Trop Med Hyg. 2011;85:124–131.
- Dahlgren FS, McQuiston JH, Massung RF and Anderson AD. Q fever in the United States: summary of case reports from two national surveillance systems, 2000–2012. Am J Trop Med Hyg. 2015;92:247–255.
- Daodu OB, Eisenbarth A, Schulz A, Hartlaub J, Olopade JO, Oluwayelu DO, et al. Molecular detection of dugbe orthonairovirus in cattle and their infesting ticks (*Amblyomma* and *Rhipicephalus (Boophilus)*) in Nigeria. PLoS Negl Trop Dis. 2021;15:e0009905.
- Davidovich N, Fiocchi E, Basso A, Budai J, Montesi F, and Pretto T. An outbreak of crayfish rickettsiosis caused by *Coxiella cheraxi* in redclaw crayfish (*Cherax quadricarinatus*) imported to Israel from Australia. Transbound Emerg Dis. 2022;69(2):204–212.
- De las Heras M, Gonzalez L, and Sharp JM. Pathology of ovine pulmonary adenocarcinoma. In: Fan H, editor. Jaagsiekte Sheep Retrovirus and Lung

- Cancer. Current Topics in Microbiology and Immunology. Vol 275. Springer; 2003, 25–54.
- de Villiers EM, Fauquet C, Broker TR, Bernard HU and zur Hausen H. Classification of papillomaviruses. *Virology*. 2004;324:17–27.
- Dedkov VG, Markelov ML, Gridneva KA, Bekova MV, Gmyl AP, Kozlovskaya LI, et al. Prevalence of Kemerovo virus in Ixodid ticks from the Russian Federation. *Ticks Tick Borne Dis*. 2014;5:651–655.
- Dehio C, Sauder U, and Hiestand R. Isolation of *Bartonella schoenbuchensis* from *Lipoptena cervi*, a blood-sucking arthropod causing deer ked dermatitis. *J Clin Microbiol*. 2004;42(11):5320–5323.
- Demin MV, Tikhomirov DS, Biderman BV, Drovkov MY, Sudarikov AB, Tupoleva TA, et al. Mutations in the UL97 gene of cytomegalovirus (Herpesvirales: Herpesviridae: Cytomegalovirus: Human betaherpesvirus 5) associated with ganciclovir resistance in recipients of allogeneic hematopoietic stem cells. *Probl Virol*. 2022;67(1):37–47.
- Deng B, Rui J, Liang S, Li Z, Li K, Lin S, et al. Meteorological factors and tick density affect the dynamics of SFTS in Jiangsu province, China. *PLoS Negl Trop Dis*. 2022;16(5):e0010432.
- Derrick EH. "Q" fever, a new fever entity: clinical features, diagnosis and laboratory investigation. *Rev Infect Dis*. 1983;5:790–800.
- Devlin JM, Browning GF, Hartley CA, Kirkpatrick NC, Mahmoudian A, Noormohammadi AH, et al. Glycoprotein G is a virulence factor in infectious laryngotracheitis virus. *J Gen Virol*. 2006;87(10):2839–2847.
- Dhaygude VS, Kundu K, Kamdi BP, Bagal UR, Bhosale SB, and Sabharwal D. Investigations on first confirmed outbreak of ovine theileriosis (*Theileria luwenshuni*) from Maharashtra state, India. *Indian J Anim Res*. 2021;55(8):951–955.
- Ding H and Yeo H, Puniamoorthy N. *Wolbachia* infection in wild mosquitoes (Diptera: *Culicidae*): implications for transmission modes and host-endosymbiont associations in Singapore. *Parasit Vectors*. 2020;13:612.
- Dobson CB and Itzhaki RF. Herpes simplex virus type 1 and Alzheimer's disease. *Neurobiol Aging*. 1999;20(4):457–465.
- Du Z, Wang Z, Liu Y, Wang H, Xue F, and Liu Y. Ecological niche modeling for predicting the potential risk areas of severe fever with thrombocytopenia syndrome. *Int J Infect Dis*. 2014;26:1–8.
- Duan DY, Tang JM, Chen Z, Liu GH and Cheng TY. Mitochondrial genome of *Amblyomma javanense*: a hard tick parasite of the endangered Malayan pangolin (*Manis javanica*). *Med Vet Entomol*. 2020;34:229–235.
- Dumler JS, Barat NC, Barat CE and Bakken JS. Human granulocytic anaplasmosis and macrophage activation. *Clin Infect Dis*. 2007;45:199–204.
- Dumler JS, Madigan JE, Pusterla N and Bakken JS. Ehrlichioses in humans: epidemiology, clinical presentation, diagnosis, and treatment. *Clin Infect Dis*. 2007;45:45–51.

- Ejiri H, Lim CK, Isawa H, Fujita R, Murota K, Sato T, et al. Characterization of a novel *thogotovirus* isolated from *Amblyomma testudinarium* ticks in Ehime, Japan: A significant phylogenetic relationship to Bourbon virus. *Virus Res.* 2018;249:57–65.
- Ejiri H, Lim CK, Isawa H, Yamaguchi Y, Fujita R, Takayama-Ito M, et al. Isolation and characterization of Kabuto Mountain virus, a new tick-borne phlebovirus from *Haemaphysalis flava* ticks in Japan. *Virus Res.* 2018;244:252–261.
- Eldridge BF, Glaser C, Pedrin RE and Chiles RE. The first reported case of California encephalitis in more than 50 years. *Emerg Infect Dis.* 2001;7:451–452.
- Elfving K, Olsén B, Bergström S, Waldenström J, Lundkvist Å, Sjöstedt A, et al. Dissemination of spotted Fever *Rickettsia* agents in Europe by migrating birds. *PLoS ONE.* 2010;5(1):e8572.
- Elliott RM. *Orthobunyaviruses*: recent genetic and structural insights. *Nat Rev Microbiol.* 2014;12:673–685.
- Emanet N, Kar S, Dinçer E, Brinkmann A, Hacıoğlu S, Farzani TA, et al. Novel tick *Phlebovirus* genotypes lacking evidence for vertebrate infections in Anatolia and Thrace, Turkey. *Viruses.* 2019;11:703.
- Espinaze MP, Hellard E, Horak IG, Cumming GS. Domestic mammals facilitate tick-borne pathogen transmission networks in South African wildlife. *Biol Conserv.* 2018;221:228–236.
- Faccini-Martínez AA, Silva-Ramos CR, Santodomingo AM, Ramírez-Hernández A, Costa FB, Labruna MB. Historical overview and update on relapsing fever group *Borrelia* in Latin America. *Parasit Vectors.* 2022;15:1–20.
- Fazakerley JK. Pathogenesis of Semliki Forest virus encephalitis. *J Neurovirol.* 2002;8.
- Feng C, Chai J, Han Y, and Li H. Report of investigation on hemorrhagic fever in Bachu County, Xinjiang in 1966. II. A preliminary study on etiology of hemorrhagic fever in Bachu. *Endemic Dis.* 2004;19(Suppl.):6–14.
- Fereidouni M, Apanaskevich DA, Pecor DB, Pshenichnaya NY, Abuova GN, Tishkova FH. Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Central, Eastern, and South-eastern Asia. *Viol Sin.* 2023;38:171–183.
- Fill MMA, Compton ML, McDonald EC, Moncayo AC, Dunn JR, Schaffner W, et al. Novel clinical and pathologic findings in a heartland virus-associated death. *Clin Infect Dis.* 2017;64:510–512.
- Fishman JA and Rubin RH. Infection in organ-transplant recipients. *N Engl J Med.* 1998;338:1741–1751.
- Fu Y, Li S, Zhang Z, Man S, Li X, Zhang W, et al. Phylogeographic analysis of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus from Zhoushan Islands, China: implication for transmission across the ocean. *Sci Rep.* 2016;6(1):19563.
- Gallusová M, Jirsová D, Mihalca AD, Gherman CL, Dâ Amico G, Qablan MA, Modry D, et al. *Cytauxzoon* infections in wild felids from Carpathian-Danubian-Pontic space: further evidence for a different *Cytauxzoon* species in European felids. *J Parasitol.* 2016;102:377–380.
- Gardner J, Rudd PA, Prow NA, Belarbi E, Roques P, Larcher T, et al. Infectious

- chikungunya virus in the saliva of mice, monkeys and humans. PLoS One, 2015;10(10):e0139481.
- Ghebremedhin B. Human *adenovirus*: Viral pathogen with increasing importance. Eur J Microbiol Immunol. 2014;5:26–33.
- Gholami S, Laktarashi B, Shiadeh MM, and Spotin A. Genetic variability, phylogenetic evaluation and first global report of *Theileria luwenshuni*, *T. buffeli*, and *T. ovis* in sheepdogs in Iran. Parasitol Res. 2016;115:2125–2130.
- Gong Y, Moström M, Otero C, Valencia S, Tarantal AF, Kaur A, et al. Mathematical modeling of rhesus cytomegalovirus transplacental transmission in seronegative rhesus macaques. Viruses. 2023;15:2040.
- Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, de Groot RJ, Drosten C, Gulyaeva AA, et al. The species Severe acute respiratory syndrome–related coronavirus: classifying 2019–nCoV and naming it SARS–CoV–2. Nat Microbiol. 2020;5:536–544.
- Gurtsevitch VE, Lubenskaya AK, Senyuta NB, Dushenkina TE, and Smirnova K V. Epstein–Barr virus (Herpesviridae: Gammaherpesvirinae: Lymphocryptovirus: Human gammaherpesvirus 4) in Kalmyks and Slavs living in Russia: virus types, LMP1 oncogene variants, and malignancies. Probl Virol. 2022;67(3):246–257.
- Hammon WM and Reeves WC. California encephalitis virus, a newly described agent. Calif Med. 1952;77:303–309.
- Hammon WM, Reeves WC and Sather G. California encephalitis virus, a newly described agent. II. Isolations and attempts to identify and characterize the agent. J Immunol. 1952;69:493–510.
- Han YJ, Park J, Lee YS, Chae JS, Yu DH, Park BK, et al. Molecular identification of selected tick–borne pathogens in wild deer and raccoon dogs from the Republic of Korea. Vet Parasitol. 2017;7:25–31.
- Heo EJ, Park JH, Koo JR, Park MS, Park MY, Dumler JS, et al. Serologic and molecular detection of *Ehrlichia chaffeensis* and *Anaplasma phagocytophila* (human granulocytic ehrlichiosis agent) in Korean patients. J Clin Microbiol. 2002;40:3082–3085.
- Herwaldt BL, Montgomery S, Woodhall D and Bosserman EA. Babesiosis surveillance—18 states, 2011. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2012;61:505–509.
- Hien VM, van der Hoek L, Farrar J, and de Jong MD. Me Tri virus: a Semliki Forest virus strain from Vietnam? J Gen Virol. 2008;89(9):2132–2135.
- Hildebrandt A, Franke J, Meier F, Sachse S, DOrn W, Straube E. The potential role of migratory birds in transmission cycles of *Babesia* spp., *Anaplasma phagocytophilum*, and *Rickettsia* spp. Ticks Tick Borne Dis. 2010;1:105–107.
- Hofacre A and Fan H. Jaagsiekte sheep retrovirus biology and oncogenesis. Viruses. 2010;2(12):2618–2648.
- Holbrook MR. Historical Perspectives on *Flavivirus* Research. Viruses. 2017;9:97.
- Homer MJ, Aguilar–Delfin I, Telford SR, Krause PJ and Persing DH. Babesiosis. Clin Microbiol Rev. 2000;13:451–469.
- Hong SH, Lee SE, Jeong YI, Kim HC, Chong ST, Klein TA, et al. Prevalence and molecular characterizations of *Toxoplasma gondii* and *Babesia microti* from

- small mammals captured in Gyeonggi and Gangwon Provinces, Republic of Korea. *Vet Parasitol.* 2014;205(3–4):512–517.
- Hoogstraal H. The epidemiology of tick borne Crimean–Congo hemorrhagic fever in Asia, Europe and Africa. *J Med Entomol.* 1979;15:307–317.
- Hornok S, Takács N, Szekeres S, Szőke K, Kontschán J, Horváth G, et al. DNA of *Theileria orientalis*, *T. equi* and *T. capreoli* in stable flies (*Stomoxys calcitrans*). *Parasit Vectors.* 2020;13:1–6.
- Hu G, Jiang F, Luo Q, Zong K, Dong L, Mei G, et al. Diversity Analysis of Tick–Borne Viruses from Hedgehogs and Hares in Qingdao, China. *Microbiol Spectr.* 2023;11(3):e05340–22.
- Hu L, Li J, Zhang H, Bian T, Pan J, Xu X, et al. Predisposing factors for person–to–person transmission of severe fever with thrombocytopenia syndrome bunyavirus. *J Hosp Infect.* 2022;123:174–178.
- Huang L, Liu S, Chen L, Wang F, Ye P, Xia L, et al. Identification of novel Jingmen tick virus from parasitic ticks fed on a giant panda and goats in Sichuan Province, southwestern China. *Front Microbiol.* 2023;14:1179173.
- Hubálek Z, Halouzka J, and Heroldova M. Growth temperature ranges of *Borrelia burgdorferi sensu lato* strains. *J Med Microbiol.* 1998;47(10):929–932.
- Huber B, Escudero R, Busse HJ, Seibold E, Scholz HC, Anda P, et al. Description of *Francisella hispaniensis* sp. nov., isolated from human blood, reclassification of *Francisella novicida* (Larson et al. 1955) Olsufiev et al. 1959 as *Francisella tularensis* subsp. novicida comb. nov. and emended description of the genus *Francisella*. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2010;60(8):1887–1896.
- Humair PF. Birds and *Borrelia*. *Int J Med Microbiol.* 2002;291(S33):70–74.
- Ibarra V, Oteo JA, Portillo A, Santibanez S, Blanco JR, Metola L, et al. *Rickettsia slovaca* infection: DEBONEL/TIBOLA. *Ann NY Acad Sci.* 2006;1078(1):206–214.
- Ishigaki Y, Nakamura Y, Oikawa Y, Yano, Y., Kuwabata S, Nakagawa H, et al. Observation of live ticks (*Haemaphysalis flava*) by scanning electron microscopy under high vacuum pressure. *PLoS One.* 2012;7:e32676.
- Ishiguro F, Takada N, Masuzawa T, and Fukui T. Prevalence of Lyme disease *Borrelia* spp. in ticks from migratory birds on the Japanese mainland. *Appl Environ Microbiol.* 2000;66(3):982–986.
- Ivanov A and Tsachev I. Mini–review *Hepatozoon canis* and Hepatozoonosis in the dog. *Trakia J Sci.* 2008;6(2):27.
- Jääskeläinen AE, Tonteri E, Sironen T, Pakarinen L, Vaheri A, and Vapalahti, O. European subtype tick–borne encephalitis virus in *Ixodes persulcatus* ticks. *Emerg Infect Dis.* 2011;17(2):323.
- Jackson AC. Human Disease. 4th ed. Boston: Academic Press; 2020, Chapter 8, Rabies; 277–302.
- Jackson AC. Human Rabies: a 2016 Update. *Curr Infect Dis Rep.* 2016;18:38.
- Jado I, Oteo JA, Aldámiz M, Gil H, Escudero R, Ibarra V, et al. *Rickettsia monacensis* and human disease, Spain. *Emerg Infect Dis.* 2007;13(9):1405.
- Jargalan E, Uurtsaikh Z, Tserentogtokh B, Naranbaatar H, Khatanbaatar I, Enkhzaya T,

- et al. Study of morphology on newly found *Haemaphysalis concinna* tick at Selenge province. *Mong J Agric Sci*. 2018;25:43–48.
- Jia N, Liu HB, Ni XB, Bell-Sakyi L, Zheng YC, Song JL, et al. Emergence of human infection with Jingmen tick virus in China: A retrospective study. *EBioMedicine*. 2019;43:317–324.
- Johnson BK, Chanas AC, Shockley P, Squires EJ, Gardner P, Wallace C, et al. Arbovirus isolations from, and serological studies on, wild and domestic vertebrates from Kano Plain, Kenya. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 1977;71:512–517.
- Johnson DKH, Schiffman EK, Davis JP, Neitzel DF, Sloan LM, Nicholson WL, et al. Human infection with *Ehrlichia muris*-like pathogen, United States, 2007–2013. *Emerg Infect Dis*. 2015;21:1794–1799.
- Jouglin M, Blanc B, De La Cotte N, Bastian S, Ortiz K, Malandrin L. First detection and molecular identification of the zoonotic *Anaplasma capra* in deer in France. *PLoS One*. 2019;14:e0219184.
- Jung IY, Choi W, Kim J, Wang E, Park SW, Lee WJ, et al. Nosocomial person-to-person transmission of severe fever with thrombocytopenia syndrome. *Clin Microbiol Infect*. 2019;25(5):633–e1.
- Jung M, Kho JW, Lee WG, Roh JY, and Lee DH. Seasonal occurrence of *Haemaphysalis longicornis* (Acari: Ixodidae) and *Haemaphysalis flava*, vectors of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) in South Korea. *J Med Entomol*. 2019;56(4):1139–1144.
- Jupp PG and McIntosh BM. Chikungunya virus disease. In: Monath TP, editor. *The Arbovirus: Epidemiology and Ecology*. Vol 2. CRC Press; 1988, 137–157.
- Jupp PG, McIntosh BM, Dos Santos I, and De Moor P. Laboratory vector studies on six mosquito and one tick species with chikungunya virus. *Trans R Soc Trop med Hyg*. 1981;75(1):15–19.
- Kaenkan W, Nooma W, Chelong IA, Baimai V, Trinachartvanit W, and Ahantarig A. Reptile-associated *Borrelia* spp. in *Amblyomma* ticks, Thailand. *Ticks Tick Borne Dis*. 2020;11(1):101315.
- Kainga H, Chatanga E, Phonera MC, Kothowa JP, Dzimbiri P, Kamwendo G, et al. Current status and molecular epidemiology of rabies virus from different hosts and regions in Malawi. *Arch Virol*. 2023;168:61.
- Kaiser R. Tick-borne encephalitis—still a serious disease? *Wien Med Wochenschr*. 2012;162:229.
- Kajtoch Ł and Kotásková N. Current state of knowledge on *Wolbachia* infection among Coleoptera: a systematic review. *PeerJ*. 2018;6:e4471.
- Kang HJ, Yoon Y, Lee YP, Kim HJ, Lee DY, Lee JW, et al. A different epidemiology of *enterovirus A* and *enterovirus B* co-circulating in Korea, 2012–2019. *J Pediatric Infect Dis Soc*. 2021;10:398–407.
- Kang JG, Ko S, Kim YJ, Yang HJ, Lee H, Shin NS, et al. New genetic variants of *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma bovis* from Korean water deer (*Hydropotes inermis argyropus*). *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2011;11:929–938.

- Kapoor AK and Zash R. Powassan Virus; Statpearls [Internet] ;2023.
- Kaur R, Shropshire JD, Cross KL, Leigh B, Mansueto AJ, Stewart V, et al. Living in the endosymbiotic world of *Wolbachia*: A centennial review. *Cell Host Microbe*. 2021;29:879–893.
- Kautz TF and Forrester NL. RNA virus fidelity mutants: a useful tool for evolutionary biology or a complex challenge? *Viruses*. 2018;10:600.
- Kawahara M, Ito T, Suto C, Shibata S, Rikihisa Y, Hata K, et al. Comparison of *Ehrlichia muris* strains isolated from wild mice and ticks and serologic survey of humans and animals with *E. muris* as antigen. *J Clin Microbiol*. 1999;37(4):1123–1129.
- Ketz–Riley CJ, Reichard MV, Van den Bussche RA, Hoover JP, Meinkoth J and Kocan AA. An intraerythrocytic small piroplasm in wild-caught Pallas's cats (*Otocolobus manul*) from Mongolia. *J Wildl Dis*. 2003;39:424–430.
- Khan M, Beckham JD, Piquet AL, Tyler KL and Pastula DM. An Overview of Powassan Virus Disease. *Neurohospitalist*. 2019;9:181–182.
- Kim CM, Kim MS, Park MS, Park JH and Chae JS. Identification of *Ehrlichia chaffeensis*, *Anaplasma phagocytophilum*, and *A. bovis* in *Haemaphysalis longicornis* and *Ixodes persulcatus* ticks from Korea. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2003;3:17–26.
- Kim HC, Choi CY, Klein TA, Nam HY, Chae HY, Chong ST, et al. Molecular detection of *Anaplasma*, *Bartonella*, and *Borrelia* species in ticks collected from migratory birds from Hong-do Island, Republic of Korea. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2013;13(4):216–225.
- Kim HC, Choi CY, Kwon YS, Yun SM, Lee WJ, Chong ST, et al. *Ornithodoros sawaii* (Ixodida: Argasidae) larvae collected from *Hydrobates monorhis* on Sogugul and Gaerin Islands, Jeollanam-do (Province), Republic of Korea. *Korean J Parasitol*. 2016;54:233–238.
- Kim HK. *Rickettsia*-host-tick interactions: Knowledge advances and gaps. *Infect Immun*. 2022;90:e0062121.
- Kim J, Joo HS, Moon HJ and Lee YJ. A case of *Amblyomma testudinarium* tick bite in a Korean woman. *Korean J Parasitol*. 2010;48:313–317.
- Kim JY, Cho SH, Joo HN, Tsuji M, Cho SR, Park IJ, et al. First case of human babesiosis in Korea: detection and characterization of a novel type of *Babesia* sp.(KO1) similar to ovine babesia. *J Clin Microbiol*. 2007;45(6):2084–2087.
- Kim KH, Yi J, Kim G, Choi SJ, Jun KI, Kim NH, et al. Severe fever with thrombocytopenia syndrome, South Korea, 2012. *Emerg Infect Dis*. 2013;19(11):1892–1894.
- Kim SY, Jeong YE, Yun SM, Lee IY, Han MG, and Ju YR. Molecular evidence for tick-borne encephalitis virus in ticks in South Korea. *Med Vet Entomol*. 2009;23:15–20.
- Kim SY, Yun SM, Han MG, Lee IY, Lee NY, Jeong YE, et al. Isolation of tick-borne encephalitis viruses from wild rodents, South Korea. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2008;8(1):7–14.

- Kinsey AA, Durden LA, and Oliver JH. Tick infestations of birds in coastal Georgia and Alabama. *J Parasitol.* 2000;86(2):251–254.
- Kitching R. Vaccines for lumpy skin disease, sheep pox and goat pox. *Dev Biol.* 2003;114:161–167.
- Ko JH, Cho DY, Chung BS and Kim SI. Two human cases of tick bite caused by *Ixodes nipponensis*. *Korean J Parasitol.* 2002;40:199–203.
- Ko S, Kim HC, Yang YC, Chong ST, Richards AL, Sames WJ, et al. Detection of *Rickettsia felis* and *Rickettsia typhi* and seasonal prevalence of fleas collected from small mammals at Gyeonggi Province in the Republic of Korea. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2011;11:1243–1251.
- Kobayashi D, Ohashi M, Osei JHN, Agbosu E, Opoku M, Agbekudzi A, et al. Detection of a novel putative *phlebovirus* and first isolation of Dugbe virus from ticks in Accra, Ghana. *Ticks Tick Borne Dis.* 2017;8:640–645.
- Kodama F, Yamaguchi H, Park E, Tatemoto K, Sashika M, Nakao R, et al. A novel nairovirus associated with acute febrile illness in Hokkaido, Japan. *Nat Commun.* 2021;12:5539.
- Kosoy OI, Lambert AJ, Hawkinson DJ, Pastula DM, Goldsmith CS, Hunt DC, et al. Novel *thogotovirus* associated with febrile illness and death, United States, 2014. *Emerg Infect Dis.* 2015;21:760–764.
- Krause PJ, Lepore T, Sikand VK, Gadbow J Jr., Burke G, Telford SR, et al. Atovaquone and azithromycin for the treatment of babesiosis. *N Engl J Med.* 2000;343:1454–1458.
- Kummer S and Kranz DC. Henipaviruses—a constant threat to livestock and humans. *PLoS Negl Trop Dis.* 2022;16:e0010157.
- Kuo CC, Shu PY, Mu JJ and Wang HC. High Prevalence of *Rickettsia* spp. Infections in Small Mammals in Taiwan. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2015;15:13–20.
- Kurtenbach K, De Michelis S, Etti S, Schäfer SM, Sewell HS, Brade V, et al. Host association of *Borrelia burgdorferi sensu lato*—the key role of host complement. *Trends Microbiol.* 2002;10(2):74–79.
- Kwak ML, Jones MD, Harman ME, Smith SN, D'souza A, Knierim T, et al. The East Indies reptile tick *Amblyomma helvolum* Koch, 1844 (Acari: Ixodidae), taxonomy, biology and new host records, including the first record of human infestation. *Ticks Tick Borne Dis.* 2023;14:102224.
- Lam T, Liu W, Bowden TA, Cui N, Zhuang L, Liu K, et al. Evolutionary and molecular analysis of the emergent severe fever with thrombocytopenia syndrome virus. *Epidemic.* 2013;5:1–10.
- Lambert AJ, Velez JO, Brault AC, Calvert AE, Bell-Sakyi L, Bosco-Lauth AM, et al. Molecular, serological and *in vitro* culture-based characterization of Bourbon virus, a newly described human pathogen of the genus *Thogotovirus*. *J Clin Virol.* 2015;73:127–132.
- Lembo T, Hampson K, Kaare MT, Ernest E, Knobel D, Kazwala RR, et al. The feasibility of canine rabies elimination in Africa: dispelling doubts with data. *PLoS Negl Trop Dis.* 2010;4:e626.

- Levine ND. Progress in taxonomy of the Apicomplexan protozoa. *J Protozool.* 1988;35:518–520.
- Levy JA. Three new human herpesviruses (HHV6, 7, and 8). *Lancet.* 1997;349(9051):558–563.
- Li CX, Shi M, Tian JH, Lin XD, Kang YJ, Chen LJ, et al. Unprecedented genomic diversity of RNA viruses in arthropods reveals the ancestry of negative-sense RNA viruses. *Elife.* 2015;4:e05378.
- Li F, Tian J, Wang L, Yang Z, Lu M, Qin X, et al. High Prevalence of *Rickettsia bellii* in mosquitoes from Eastern China. *J Med Entomol.* 2022;59(1):390–393.
- Li JC, Zhao J, Hao L, Fang LQ and Liu W. Epidemiology, clinical characteristics, and treatment of severe fever with thrombocytopenia syndrome. *Infect Med.* 2022;1:40–49.
- Liaw YF and Chu CM. Hepatitis B virus infection. *Lancet.* 2009;373:582–592.
- Libikova H, Rehacek J and Somogyiova J. Viruses related to the Kemerovo virus in *Ixodes ricinus* ticks in czechoslovakia. *Acta Virol.* 1965;9:76–82.
- Lindenbach BD and Charles MR. Flaviviridae: the viruses and their replication. In: David M, Knipe PMH, editors. *Virology.* 4th ed. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins; 2001, 991–1041.
- Lindgren E, Tälleklint L, and Polfeldt T. Impact of climatic change on the northern latitude limit and population density of the diseases-transmitting European tick *Ixodes ricinus*. *Environ Health Perspect.* 2000;108(2):119–123.
- Lindqvist R, Upadhyay A, and Överby A. Tick-borne flaviviruses and the type I interferon responses. *Viruses.* 2018;10:340.
- Liu K, Zhou H, Sun RX, Yao HW, Li Y, Wang LP, et al. A national assessment of the epidemiology of severe fever with thrombocytopenia syndrome, China. *Sci Rep.* 2015;5:9679.
- Liu Z, Li L, Xu W, Yuan Y, Liang X, Zhang L, et al. Extensive diversity of RNA viruses in ticks revealed by metagenomics in northeastern China. *PLoS Negl Trop Dis.* 2022;16(12):e0011017.
- Lloret A, Addie DD, Boucraut-Baralon C, Egberink H, Frymus T, Gruffydd-Jones T, et al. Cytauxzoonosis in cats: ABCD guidelines on prevention and management. *J Feline Med Surg.* 2015;17:637–641.
- Lo CH and Wu YL. Seroprevalence of Equine Infectious Anemia in Taiwanese Horses in 2012. *臺灣獸醫學雜誌.* 2014;40(1):1–6.
- Lopes Ade O, Lima LRP, Tozetto-Mendoza TR, Martinelli KG, Morgado MG, Pilotto JH, et al. Low prevalence of human gammaherpesvirus 8 (HHV-8) infection among HIV-infected pregnant women in Rio De Janeiro, Brazil. *J Matern Fetal Neonatal Med.* 2021;34:3458–3461.
- Lopes de Carvalho I, Fonseca JE, Marques JG, Ullmann A, Hojgaard A, Zeidner N, et al. Vasculitis-like syndrome associated with *Borrelia lusitaniae* infection. *Clin Rheumatol.* 2008;27:1587–1591.
- Lopez Y, Miranda J, Mattar S, Gonzalez M and Rovnak J. First report of Lihan tick virus (Phlebovirus, Phenuiviridae) in ticks, Colombia. *Virol J.* 2020;17:63.

- Lugo D and Krogstad P. Enteroviruses in the early 21st century: new manifestations and challenges. *Curr Opin Pediatr*. 2016;28:107–113.
- Lumsden WH. An epidemic of virus disease in Southern Province, Tanganyika Territory, in 1952–1953 II. General description and epidemiology. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 1955;49:33–57.
- Luo LM, Zhao L, Wen HL, Zhang ZT, Liu JW, Fang LZ, et al. *Haemaphysalis longicornis* ticks as reservoir and vector of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in China. *Emerg Infect Dis*. 2015;21(10):1770.
- Lvov DK, Shchelkanov MY, Alkhovskiy SV and Deryabin PG. Zoonotic viruses of Northern Eurasia: taxonomy and ecology. Elsevier Academic Press; 2015, Chapter 7: Double-Stranded RNA viruses. p113–133.
- Lyme disease maps: Historical data[Internet]. Atlanta: CDC; www.cdc.gov/lyme/stats/maps.html. Accessed 2021 Jan.
- Madison-Antenucci S, Kramer LD, Gebhardt LL and Kauffman E. Emerging Tick-Borne Diseases. *Clin Microbiol Rev*. 2020;33:e00083–18.
- Mahara F. Japanese spotted fever: report of 31 cases and review of the literature. *Emerg Infect Dis*. 1997;3(2):105.
- Malik P, Singha H, and Sarkar S. Equine infectious anemia. In: Bayry J, editor. *Emerging and Re-emerging Infectious Diseases of Livestock*. Springer; 2017:215–235.
- Mallapaty S. New ‘Langya’ virus identified in China: what scientists know so far. *Nature*. 2022;608:656–657.
- Mans BJ, Pienaar R and Latif AA. A review of *Theileria* diagnostics and epidemiology. *Int J Parasitol Parasites Wildl*. 2015;4:104–118.
- Manzano-Román R, Díaz-Martín V, de la Fuente J, and Pérez-Sánchez R. Soft ticks as pathogen vectors: distribution, surveillance and control. *Parasitol*. 2012;7:125–162.
- Mathiot CC, Grimaud G, Garry P, Bouquety JC, Mada A, Daguisy AM, et al. An outbreak of human Semliki Forest virus infections in Central African Republic. *Am J Trop Med Hyg*. 1990;42:386–393.
- Maurin M and Raoult D. Q fever. *Clin Microbiol Rev*. 1999;12:518–553.
- Mavalankar D, Shastri P, Bandyopadhyay T, Parmar J, and Ramani KV. Increased mortality rate associated with chikungunya epidemic, Ahmedabad, India. *Emerg Infect Dis*. 2008;14:412–415.
- McIntosh BM. Susceptibility of some African wild rodents to infection with various arthropod-borne viruses. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 1961;55:63–68.
- McLaren PJ and Fellay J. HIV-1 and human genetic variation. *Nat Rev Genet*. 2021;22:645–657.
- McMullan LK, Folk SM, Kelly AJ, MacNeil A, Goldsmith CS, Metcalfe MG, et al. A new *phlebovirus* associated with severe febrile illness in Missouri. *N Engl J Med*. 2012;367:834–841.
- Mediannikov O, Sekeyová Z, Birg ML, and Raoult D. A novel obligate intracellular gamma-proteobacterium associated with ixodid ticks, *Diplorickettsia*

- massiliensis*, Gen. Nov., Sp. Nov. PLoS one. 2010;5(7):e11478.
- Miao D, Liu MJ, Wang YX, Ren X, Lu QB, Zhao GP, et al. Epidemiology and ecology of severe fever with thrombocytopenia syndrome in China, 2010–2018. Clin Infect Dis. 2021;73:e3851–e3858.
- Migné CV, Braga de Seixas H, Heckmann A, Galon C, Mohd Jaafar F, Monsion B, et al. Evaluation of Vector Competence of *Ixodes* Ticks for Kemerovo Virus. Viruses. 2022;14:1102.
- Milazzo ML, Cajimat MN, Duno G, Duno F, Utrera A, and Fulhorst CF. Transmission of Guanarito and Pirital viruses among wild rodents, Venezuela. Emerg Infect Dis. 2011;17(12):2209.
- Miyamoto K, Nakao M, Fujita H, and Sato F. The ixodid ticks on migratory birds in Japan and isolation of Lyme disease spirochetes from bird–feeding ticks. Jpn J Sanit Zool. 1993;44:315–326.
- Moody CA and Laimins LA. Human papillomavirus oncoproteins: pathways to transformation. Nat Rev Cancer. 2010;10:550–560.
- Moon J, Lee H, Jeon JH, Kwon Y, Kim H, Wang EB, et al. Aerosol transmission of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus during resuscitation. Infect Control Hosp Epidemiol. 2019;40:238–241.
- Moraga–Fernández A, Muñoz–Hernández C, Sánchez–Sánchez M, de Mera IG.F and de la Fuente J. Exploring the diversity of tick–borne pathogens: the case of bacteria (*Anaplasma*, *Rickettsia*, *Coxiella* and *Borrelia*) protozoa (*Babesia* and *Theileria*) and viruses (*Orthonairovirus*, tick–borne encephalitis virus and louping ill virus) in the European continent. Vet Microbiol. 2023;286:109892.
- Morens DM and Fauci AS. Emerging pandemic diseases: How we got to COVID–19. Cell. 2020;182:1077–1092.
- Morshed MG, Scott JD, Fernando L, Beati L, Mazerolle DF, Geddes G, et al. Migratory songbirds disperse ticks across Canada, and first isolation of the Lyme disease spirochete, *Borrelia burgdorferi*, from avian tick, *Ixodes auritulus*. J Parasitol. 2005;91(4):780–790.
- Motoi Y, Asano M, Inokuma H, Ando S, Kawabata H, Takano A, and Suzuki M. Detection of *Rickettsia tamurae* DNA in ticks and wild boar (*Sus scrofa leucomystax*) skins in Shimane Prefecture, Japan. J Vet Med Sci. 2013;75(3):263–267.
- Murphy DS, Lee X, Larson SR, Johnson DKH, Loo T, and Paskewitz SM. Prevalence and distribution of human and tick infections with the *Ehrlichia muris*–like agent and *Anaplasma phagocytophilum* in Wisconsin, 2009–2015. Vector Borne Zoonotic Dis. 2017;17(4):229–236.
- Murphy GL, Ewing SA, Whitworth LC, Fox JC, Kocan AA. A molecular and serologic survey of Ehrlichia canis, E. chaffeensis, and E. ewingii in dogs and ticks from Oklahoma. Vet Parasitol. 1998;79:325–339.
- Nadolny RM, Toliver M, Gaff HD, Snodgrass JG and Robbins RG. Focus Stacking Images of Morphological Character States for Differentiating the Adults of *Ixodes affinis* and *Ixodes scapularis* (Acari: Ixodidae) in Areas of Sympatry. J

- Med Entomol. 2021;58:1941–1947.
- Nakao R, Matsuno K, Qiu Y, Maruyama J, Eguchi N, Nao N, et al. Putative RNA viral sequences detected in an *Ixodes scapularis*-derived cell line. Ticks Tick-Borne Dis. 2017;8:103–111.
- Nam HY, Choi CY, Park JG, Hong GP, Won IJ, Kim SJ, et al. Protandrous migration and variation in morphological characters in *Emberiza* buntings at an East Asian stopover site. Ibis. 2011;153(3):494–501.
- Nam HY, Cho SY, Kim HJ, Park JG, Choi CY, Kwon YS. Bird Banding Manual for Constant Effort Surveys in National Parks of Korea. Korea National Park Institute, Wonju; 2014 (in Korean).
- Nam HY, Choi CY, Kim HJ, Park SY, Park JG. Introduction to Bird Migration Survey. Korea National Park Institute, Wonju; 2017 (in Korean).
- Nasirian H. Ticks infected with Crimean–Congo hemorrhagic fever virus (CCHFV): A decision approach systematic review and meta-analysis regarding their role as vectors. Travel Med Infect Dis. 2022;47:102309.
- Nava S, Beati L, Venzal JM, Labruna MB, Szabó MPJ, Petney T, et al. *Rhipicephalus sanguineus* (Latreille,1806): Neotype designation, morphological re-description of all parasitic stages and molecular characterization. Ticks Tick Borne Dis. 2018;9:1573–1585.
- Nosik DN, Nosik NN, Teplyakova TV, Lobach OA, Kiseleva IA, Kondrashina NG, et al. Antiviral activity of extracts of basidiomycetes and humic compounds substances against Human Immunodeficiency Virus (Retroviridae: Orthoretrovirinae: Lentivirus: Human immunodeficiency virus 1) and Herpes Simplex Virus (Herpesviridae: Simplexvirus: Human alphaherpesvirus 1). Probl Virol. 2020;65(5):276–283.
- Oaks S, Ridgway R, Shirai A, and Twartz J. Scrub Typhus: Institute for Medical Research, Malaysia: Bulletin No. 21. Institute Penyelidikan Perubatan, Kuala Lumpur, Malaysia. 1983.
- Oberste MS, Maher K, Kilpatrick DR and Pallansch MA. Molecular evolution of the human enteroviruses: correlation of serotype with VP1 sequence and application to *picornavirus* classification. J Virol. 1999;73:1941–1948.
- Oem JK, Chung JY, Kim YJ, Lee KK, Kim SH, Jung BY, et al. Isolation and characterization of *orf* viruses from Korean black goats. J Vet Sci. 2013;14:227–230.
- Ogden NH, St-Onge L, Barker IK, Brazeau S, Bigras-Poulin M, Charron DF, et al. Risk maps for range expansion of the Lyme disease vector, *Ixodes scapularis*, in Canada now and with climate change. Int J Health Geogr. 2008;7:1–15.
- Ogola EO, Kopp A, Bastos ADS, Slothouwer I, Omoga DC and Osalla J. Phlebovirus diversity in ticks from livestock in arid ecologies in Kenya. Ticks Tick Borne Dis. 2023;14:102087.
- Ogrzewalska M, Literak I, Cardenas-Callirgos JM, Capek M, and Labruna MB. *Rickettsia bellii* in ticks *Amblyomma varium* Koch, 1844, from birds in Peru. Ticks Tick Borne Dis. 2012;3(4):254–256.

- Oh JY, Moon BC, Bae BK, Shin EH, Ko YH, Kim YJ, et al. Genetic identification and phylogenetic analysis of *Anaplasma* and *Ehrlichia* species in *Haemaphysalis longicornis* collected from Jeju Island, Korea. *J Bacteriol Virol.* 2009;39:257–267.
- Oh MR, Moon KH, Kim SY, Kim YG, Choi CY, Kang CW, et al. Prevalence of *Anaplasma* sp. in thrushes (Family Turdidae) in Jeju Island, Republic of Korea. *J Vet Clinics.* 2014;31:206–211.
- Oh SS, Chae JB, Kang JG, Kim HC, Ching ST, Shin JH, et al. Detection of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus from wild animals and ixodidae ticks in the Republic of Korea. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2016;16(6):408–414.
- Ohashi N, Aochi M, Wu D, Yoshikawa Y, Kawamori F, Honda T, et al. *Rickettsiae* in ticks, Japan, 2007–2011. *Emerg Infect Dis.* 2013;19(2):338.
- Olsen B, Duffy DC, Jaenson TG, Gylfe A, Bonnedahl J, and Bergström S. Transhemispheric exchange of Lyme disease spirochetes by seabirds. *J Clin Microbiol.* 1995;33(12):3270–3274.
- Olsén B, Jaenson TG, Bergström S. (1995). Prevalence of *Borrelia burgdorferi* sensu lato–infected ticks on migratory birds. *Appl Environ Microbiol.* 1995;61(8):3082–3087.
- Olsen B, Jaenson TG, Noppa L, Bunikis J, and Bergström S. A Lyme borreliosis cycle in seabirds and *Ixodes uriae* ticks. *Nature.* 1993;362(6418):340–342.
- Padgett KA, Kjemtrup A, Novak M, Velez JO and Panella N. Colorado Tick Fever Virus in the Far West: Forgotten, but Not Gone. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2022;22:443–448.
- Palauskas A, Radzijeuskaja J, and Rosef O. *Anaplasma* in ticks feeding on migrating birds and questing ticks in Lithuania and Norway. *Clin Microbiol Infect Dis.* 2009;15(S2):34–36.
- Palomar AM, Santibáñez P, Mazuelas D, Roncero L, Santibáñez S, Portillo A, et al. Role of birds in dispersal of etiologic agents of tick–borne zoonoses, Spain, 2009. *Emerg Infect Dis.* 2012;18(7):1188–1191.
- Papa A, Kontana A, Tsioka K, Chaligiannis I and Sotiraki S. Novel phleboviruses detected in ticks, Greece. *Ticks Tick Borne Dis.* 2016;7:690–693.
- Papa A, Ma B, Kouidou S, Tang Q, Hang C, and Antoniadis A. Genetic characterization of the M RNA segment of Crimean Congo hemorrhagic fever virus strains, China. *Emerg Infect Dis.* 2002;8(1):50.
- Park HS, Lee JH, Jeong EJ, Koh SE, Park TK, Jang WJ, et al. Evaluation of groEL gene analysis for identification of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *J Clin Microbiol.* 2004;42:1270–1273.
- Park JH, Kim GJ, Choi W, Kim EH, Han JC, Ou SG. Molecular Detection and Characterization of Orf Virus from Outbreak of Contagious Pustular Alho AM, Silva J, Fonseca MJ, Santos F, Nunes C, de Carvalho LM, et al. First report of *Cytauxzoon* sp. infection in a domestic cat from Portugal. *Parasit Vectors.* 2016;9:220.
- Parola P, Paddock CD, and Raoult D. Tick–borne rickettsioses around the world:

- emerging diseases challenging old concepts. *Clin Microbiol Rev.* 2005;18(4):719–756.
- Patil SM and Regunath H. Q fever. *StatPearls*[Internet]. 2022.
- Paul SD and Singh KR. Experimental infection of *Macaca radiata* with Chikungunya virus and transmission of virus by mosquitoes. *Indian J Med Res.* 1968;56:802–811.
- Peng SH, Yang SL, Tang SE, Wang TC, Hsu TC, Su CL, et al. Human case of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus infection, Taiwan, 2019. *Emerg Infect Dis.* 2020;26(7):1612–1614.
- Pereira A, Parreira R, Nunes M, Casadinho A, Vieira ML, Campino L, et al. Molecular detection of tick-borne bacteria and protozoa in cervids and wild boars from Portugal. *Parasit Vectors.* 2016;9:1–9.
- Perison PWD, Amran NS, Adrus M, and Anwarali Khan FA. Detection and molecular identification of blood parasites in rodents captured from urban areas of southern Sarawak, Malaysian Borneo. *Vet Med Sci.* 2022;8(5):2059–2066.
- Pettersson JH, Shi M, Bohlin J., Eldholm V, Brynildsrud OB, Paulsen KM, et al. Characterizing the virome of *Ixodes ricinus* ticks from northern Europe. *Sci Rep.* 2017;7:10870.
- Philip CB. Tsutsugamushi disease (scrub typhus) in World War II. *J Parasitol.* 1948;34:169–191.
- Phipps LP, Hernández-Triana LM, Goharriz H, Welchman D, and Johnson N. Detection of *Theileria luwenshuni* in sheep from Great Britain. *Parasit Vectors.* 2016;9(1):1–4.
- Pietzsch ME, Mitchell R, Jameson LJ, Morgan C, Medlock JM, Collins D, et al. Preliminary evaluation of exotic tick species and exotic pathogens imported on migratory birds into the British Isles. *Vet Parasitol.* 2008;155:328–332.
- Piracha ZZ, Saeed U, Ahmed RA, Khan FN, Nasir MI. Global emergence of Langya virus: A serious public health concern. *J Glob Health.* 2023;13.
- Porter J and Sullivan W. The cellular lives of *Wolbachia*. *Nat Rev Microbiol.* 2023;21:750–766.
- Powers AM and Logue CH. Changing patterns of chikungunya virus: re-emergence of a zoonotic arbovirus. *J Gen Virol.* 2007;88:2363–2377.
- Puenpa J, Auphimai C, Korkong S, Vongpunsawad S and Poovorawan Y. *Enterovirus A71* Infection, Thailand, 2017. *Emerg Infect Dis.* 2018;24:1386–1387.
- Qin XC, Shi M, Tian JH, Lin XD, Gao DY, He JR, et al. A tick-borne segmented RNA virus contains genome segments derived from unsegmented viral ancestors. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2014;111:6744–6749.
- Qin XR, Han HJ, Han FJ, Zhao FM, Zhang ZT, Xue ZF, et al. *Rickettsia japonica* and novel *Rickettsia* species in ticks, China. *Emerg Infect Dis.* 2019;25(5):992.
- Raoult D and Roux V. Rickettsioses as paradigms of new or emerging infectious diseases. *Clin Microbiol Rev.* 1997;10:694–719.
- Raoult D, Marrie T and Mege J. Natural history and pathophysiology of Q fever. *Lancet Infect Dis.* 2005;5:219–226.

- Rattanakomol P, Khongwichit S, Linsuwanon P, Lee KH, Vongpunsawad S, and Poovorawan Y. Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus infection, Thailand, 2019–2020. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(12):2572–2574.
- Ree HI, Lee HS, Lee IY and Yoshida Y. Epidemiological studies on host animals of tsutsugamushi disease in Korea. *Kisaengchunghak Chapchi.* 1991;29:181–188.
- Reeves WK. Molecular evidence for a novel *Coxiella* from *Argas monolakensis* (Acari: Argasidae) from Mono Lake, California, USA. *Exp Appl Acarol.* 2008;44:57–60.
- Regier Y, Komma K, Weigel M, Pulliainen AT, Göttig S, Hain T. Microbiome analysis reveals the presence of *Bartonella* spp. and *Acinetobacter* spp. in deer keds (*Lipoptena cervi*). *Front Microbiol.* 2018;9:3100.
- Regier Y, O'Rourke F and Kempf VA. *Bartonella* spp.–a chance to establish One Health concepts in veterinary and human medicine. *Parasit Vectors.* 2016;9:261.
- Reichard MV, Van Den Bussche RA, Meinkoth JH, Hoover JP and Kocan AA. A new species of *Cytauxzoon* from Pallas' cats caught in Mongolia and comments on the systematics and taxonomy of piroplasmids. *J Parasitol.* 2005;91:420–426.
- Remesar S, Díaz P, Prieto A, García-Dios D, Panadero R, Fernández G, et al. Molecular detection and identification of piroplasmids (*Babesia* spp. and *Theileria* spp.) and *Anaplasma phagocytophilum* in questing ticks from northwest Spain. *Med Vet Entomol.* 2021;35:51–58.
- Reynolds ES, Wooldridge JT, Stevenson HL and Thangamani S. The Lone Star tick, *Amblyomma americanum*, salivary factors exacerbate the clinical outcome of Heartland virus disease in a small animal model. *Sci Rep.* 2023;13:13304.
- Rikihisa Y. The “biological weapons” of *Ehrlichia chaffeensis*: novel molecules and mechanisms to subjugate host cells. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 2022;11:830180.
- Rivailler P, Mao N, Zhu Z and Xu W. Recombination analysis of Human *mastadenovirus* C whole genomes. *Sci Rep.* 2019;9:2182.
- Roe MK, Huffman ER, Batista YS, Papadeas GG, Kastelitz SR, Restivo AM, et al. Comprehensive Review of Emergence and Virology of Tick-borne Bourbon Virus in the United States. *Emerging Infect Dis.* 2023;29:1–7.
- Romero JR and Simonsen KA. Powassan encephalitis and Colorado tick fever. *Infect Dis Clin North Am.* 2008;22:545–559.
- Rosenberg R, Johansson MA, Powers AM and Miller BR. Search strategy has influenced the discovery rate of human viruses. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2013;110:13961–13964.
- Roux V, Raoult D. Inter- and intraspecies identification of *Bartonella (Rochalimaea)* species. *J Clin Microbiol.* 1995;33:1573–1579.
- Roy BC, Estrada-Peña, A, Krücken J, Rehman A and Nijhof AM. Morphological and phylogenetic analyses of *Rhipicephalus microplus* ticks from Bangladesh, Pakistan and Myanmar. *Ticks Tick Borne Dis.* 2018;9:1069–1079.
- Rymaszewska A and Grenda S. Bacteria of the genus *Anaplasma*—characteristics of *Anaplasma* and their vectors: a review. *Vet Med.* 2008;53:573–584.

- Sahara A, Nugraeni YR, Patra G, Prastowo J and Priyowidodo D. Ticks (Acari: *Ixodidae*) infestation on cattle in various regions in Indonesia. *Vet World*. 2019;12:1755–1789.
- Sameroff S, Tokarz R, Vucelja M, Jain K, Oleynik A, Boljetic M, et al. Virome of *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus*, and *Haemaphysalis concinna* Ticks from Croatia. *Viruses*. 2022;14:929.
- Sanchez S and Ly H. Langya henipavirus: Is it a potential cause for public health concern? *Virulence*. 2023;14:2154188.
- Santos F, Coppede JS, Pereira AL, Oliveira LP, Roberto PG, Benedetti RB, et al. Molecular evaluation of the incidence of *Ehrlichia canis*, *Anaplasma platys* and *Babesia* spp. in dogs from Ribeirão Preto, Brazil. *Vet J*. 2009;179:145–148.
- Scarpulla M, Barlozzari G, Salvato L, De Liberato C, Lorenzetti R, Macrì G. *Rickettsia helvetica* in human–parasitizing and free–living *Ixodes ricinus* from urban and wild green areas in the metropolitan city of Rome, Italy. *Vector Borne and Zoonotic Dis*. 2018;18:404–407.
- Schmidt JR and Shope RE. Kemerovo virus from a migrating common redstart of Eurasia. *Acta Virol*. 1971;15:112.
- Schotthoefler AM, Schrodi SJ, Meece JK, Fritsche TR and Shukla SK. Pro-inflammatory immune responses are associated with clinical signs and symptoms of human anaplasmosis. *PLoS One*. 2017;12:e0179655.
- Schotthoefler AM, Schrodi SJ, Meece JK, Thomas R Fritsche TR, Sanjay K and Shukla SK. Pro-inflammatory immune responses are associated with clinical signs and symptoms of human anaplasmosis. *PLoS One*. 2017;19;12:e0179655.
- Schottstedt V, Blümel J, Burger R, Drosten C, Gröner A, Gürtler L, et al. Human *cytomegalovirus* (HCMV)–revised. *Transfus Med Hemother*. 2010;37:365–375.
- Schwan TG, Gage KL, Karstens RH, Schrupf ME, Hayes SF, and Barbour AG. Identification of the tick–borne relapsing fever spirochete *Borrelia hermsii* by using a species–specific monoclonal antibody. *J Clin Microbiol*. 1992;30(4):790–795.
- Scott TP and Nel LH. Lyssaviruses and the fatal encephalitic disease rabies. *Front Immunol*. 2021;12:786953.
- Seki N, Sasaki T, Sawabe K, Sasaki T, Matsuoka M, Arakawa Y, et al. Epidemiological studies on *Bartonella quintana* infections among homeless people in Tokyo, Japan. *Jpn J Infect Dis*. 2006;59:31.
- Seo MG, Kwon OD, and Kwak D. *Anaplasma bovis* infection in a horse: First clinical report and molecular analysis. *Vet Microbiol*. 2019;233: 47–51.
- Seo MG, Kwon OD, and Kwak D. Molecular detection of *Rickettsia raoultii*, *Rickettsia tamurae*, and associated pathogens from ticks parasitizing water deer (*Hydropotes inermis argyropus*) in South Korea. *Ticks Tick Borne Dis*. 2021;12(4):101712.
- Seong SY, Choi MS and Kim IS. *Orientia tsutsugamushi* infection: overview and immune responses. *Microbes Infect*. 2001;3:11–21.
- Shao L, Chang R, Liu L, Wang Y, Gao Y, Wang S, et al. Detection and phylogenetic

- analysis of a novel tick-borne virus in *Haemaphysalis longicornis* ticks and sheep from Shandong, China. *Virology*. 2021;18:233.
- Shao LJ, Pang Z, Fu HC, Chang RH, Lin ZM, Lv AQ, et al. Identification of recently identified tick-borne viruses (Dabieshan tick virus and SFTSV) by metagenomic analysis in ticks from Shandong Province, China. *J Infect*. 2020;81:973–978.
- Shi C, Sun P, Yang P, Liu L, Tian L, Liu W, et al. Research progress on neutralizing epitopes and antibodies for the Rabies virus. *Infect Med (Beijing)*. 2022;1:262–271.
- Shock BC, Birkenheuer AJ, Patton LL, Olfenbuttel C, Beringer J, Grove DM, et al. Variation in the ITS-1 and ITS-2 rRNA genomic regions of *Cytauxzoon felis* from bobcats and pumas in the eastern United States and comparison with sequences from domestic cats. *Vet Parasitol*. 2012;190:29–35.
- Silva-Ramos CR, Montoya-Ruiz C, Faccini-Martínez AA, and Rodas JD. An updated review and current challenges of Guanarito virus infection, Venezuelan hemorrhagic fever. *Arch Virol*. 2022;167(9):1727–1738.
- Silvas JA and Aguilar PV. The emergence of Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome virus. *Am J Trop Med Hyg*. 2017;97(4):992–996.
- Simulundu E, Mbambara S, Chambaro HM, Sichibalo K, Kajihara M, Nalubamba KS, et al. Prevalence and genetic diversity of Shibuyunji virus, a novel tick-borne *phlebovirus* identified in Zambia. *Arch Virol*. 2021;166:915–919.
- Sita A, Birlem GE, de Almeida PR, Stein JF, Mallmann L, Demoliner M, et al. Detection of human *Mastadenovirus C* in wild guinea pigs (*Cavia aperea aerea*) feces. *Braz J Microbiol*. 2022;53:2101–2105.
- Sivakumar T, Hayashida K, Sugimoto C and Yokoyama N. Evolution and genetic diversity of *Theileria*. *Infect Genet. Evol*. 2014;27:250–263.
- Skrabalo Z and Deanovic Z. Piroplasmiasis in man; report of a case. *Doc Med Geogr Trop*. 1957;9:11–16.
- Smith DB, Meyers G, Bukh J, Gould EA, Monath T, Scott Muerhoff A, et al. Proposed revision to the taxonomy of the genus *Pestivirus*, family Flaviviridae. *J Gen Virol*. 2017;98(8):2106–2112.
- Smith Jr. RP, Rand PW, Lacombe EH, Morris SR, Holmes DW, and Caporale DA. Role of bird migration in the long-distance dispersal of *Ixodes dammini*, the vector of Lyme disease. *J Infect Dis*. 1996;174:221–224.
- Snellgrove AN, Krapivunaya I, Scott P, and Levin ML. Assessment of the pathogenicity of *Rickettsia amblyommatis*, *Rickettsia bellii*, and *Rickettsia montanensis* in a guinea pig model. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2021;21(4):232–241.
- Sormunen J, Klemola T, and Vesterinen EJ. Ticks (Acari: Ixodidae) parasitizing migrating and local breeding birds in Finland. *Exp Appl Acarol*. 2022;86:145–156.
- Spengler JR, Estrada-Peña A, Garrison AR, Schmaljohn C, Spiropoulou CF, Bergeron É, and Bente DA. A chronological review of experimental infection studies of the role of wild animals and livestock in the maintenance and transmission of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. *Antiviral Res*. 2016;135:31–47.

- Spielman A. Human babesiosis on Nantucket Island: transmission by nymphal *Ixodes* ticks. *Am J Trop Med Hyg.* 1976;25(6):784–787.
- Spruance SL and Bailey A.: Colorado tick fever: a review of 115 laboratory confirmed cases. *Arch Intern Med.* 1973;131:288–293.
- Sprygin A, Pestova Y, Wallace D, Tupppurainen E and Kononov A. Transmission of lumpy skin disease virus: a short review. *Virus Res.* 2019;269:197637.
- Stockman LJ, Bellamy R, and Garner P. SARS: Systematic review of treatment effects. *PLoS Med.* 2006;3:1525–1531.
- Stuen S, Granquist EG, and Silaghi C. *Anaplasma phagocytophilum*—a widespread multi-host pathogen with highly adaptive strategies. *Front Cell Infect Microbiol.* 2013;3:31.
- Subramanian G, Mediannikov O, Angelakis E, Socolovschi C, Kaplanski G, Martzloff L, et al. *Diplorickettsia massiliensis* as a human pathogen. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2012;31:365–369.
- Suh JH, Kim HC, Yun SM, Lim JW, Kim JH, Chong ST, et al. Detection of SFTS virus in *Ixodes nipponensis* and *Amblyomma testudinarium* (Ixodida: Ixodidae) collected from reptiles in the Republic of Korea. *J Med Entomol.* 2016;53(3):584–590.
- Sun S, Dai X, Aishan M, Wang X, Meng W, Feng C, et al. Epidemiology and phylogenetic analysis of Crimean–Congo hemorrhagic fever viruses in Xinjiang, China. *J Clin Microbiol.* 2009;47(8):2536–2543.
- Suresh M and Menne S. Application of the woodchuck animal model for the treatment of hepatitis B virus-induced liver cancer. *World J Gastrointest Oncol.* 2021;13:509–535.
- Swack NS and Hsiung GD. Natural and experimental simian cytomegalovirus infections at a primate center. *J Med Primatol.* 1982;11:169–177.
- Szewczyk T, Werszko J, Myczka AW, Laskowski Z, Karbowski G. Molecular detection of *Anaplasma phagocytophilum* in wild carnivores in north-eastern Poland. *Parasit Vectors.* 2019;12:1–5.
- Takahashi T, Maeda K, Suzuki T, Ishido A, Shigeoka T, Tominaga T, et al. The first identification and retrospective study of severe fever with thrombocytopenia syndrome in Japan. *J Infect Dis.* 2014;209(6):816–827.
- Tamura A, Ohashi N, Urakami H, Miyamura S. Classification of *Rickettsia tsutsugamushi* in a new genus, *Orientia* gen. nov., as *Orientia tsutsugamushi* comb. nov. *Int J Syst Bacteriol.* 1995;45:589–591.
- Tanaka MA, Onoe S, Matsuba T, Katayama S, Yamanaka M, Yonemichi H, et al. Detection of *Theileria sergenti* infection in cattle by polymerase chain reaction amplification of parasite-specific DNA. *J Clin Microbiol.* 1993;31:2565–2569.
- Tarantal AF, Shahriar Salamat M, Britt WJ, Luciw PA, Hendrickx AG, and Barry PA. Neuropathogenesis induced by Rhesus cytomegalovirus in fetal rhesus monkeys (*Macaca mulatta*). *J Infect Dis.* 1998;177:446–450.
- Tasdelen Fisgin N, Ergonul O, Doganci L and Tulek N. The role of ribavirin in the therapy of Crimean–Congo hemorrhagic fever: Early use is promising. *Eur J*

- Clin Microbiol Infect Dis. 2009;28:929–933.
- Tate CM, Howerth EW, Mead DG, Dugan VG, Luttrell MP, Sahara AI, et al. *Anaplasma odocoilei* sp. nov.(family *Anaplasmataceae*) from white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). Ticks Tick Borne Dis. 2013;4(1–2):110–119.
- Teffera M and Babiuk S. Potential of using *capripoxvirus* vectored vaccines against *arboviruses* in sheep, goats, and cattle. Front Vet Sci. 2019;6:450.
- Tekin S, Bursali A, Mutluay N, Keskin A, Dundar E. Crimean–Congo hemorrhagic fever virus in various ixodid tick species from a highly endemic area. Vet Parasitol. 2012;186:546–552.
- Telford 3rd SR, Dawson JE, Katavolos P, Warner CK, Kolbert CP, and Persing DH. Perpetuation of the agent of human granulocytic ehrlichiosis in a deer tick–rodent cycle. Proc Natl Acad Sci USA. 1996;93(12):6209–6214.
- Ternovoi VA, Kurzhukov GP, Sokolov YV, Ivanov GY, Ivanisenko VA, Loktev AV, et al. Tick-borne encephalitis with hemorrhagic syndrome, Novosibirsk region, Russia, 1999. Emerg Infect Dis. 2003;9:743.
- Tran NTB, Shimoda H, Mizuno J, Ishijima K, Yonemitsu K, Minami S, et al. Epidemiological study of Kabuto Mountain virus, a novel *uukuvirus*, in Japan. J Vet Med Sci. 2022;84:82–89.
- Tran XC, Yun Y, An LV, Kim SH, Thao NTP, Man PKC, et al. Endemic severe fever with thrombocytopenia syndrome, Vietnam. Emerg Infect Dis. 2019;25(5):1029–1031.
- Trépo C, Chan HL and Lok A. Hepatitis B virus infection. Lancet. 2014;384:2053–2063.
- Tuppurainen E, Pearson C, Bachanek–Bankowska K, Knowles N, Amareen S, Frost L, et al. Characterization of sheep pox virus vaccine for cattle against lumpy skin disease virus. Antiviral Res. 2014;109:1–6.
- Tuvshintulga B, Sivakumar T, Battsetseg B, Narantsatsaral SO, Enkhtaivan B, Battur B, et al. The PCR detection and phylogenetic characterization of *Babesia microti* in questing ticks in Mongolia. Parasitol Int. 2015;64(6):527–532.
- Udow SJ, Marrie RA and Jackson AC. Clinical features of dog- and bat-acquired rabies in humans. Clin Infect Dis. 2013;57:689–696.
- Valarcher JF and Taylor G. Bovine respiratory syncytial virus infection. Vet Res. 2007;38:153–180.
- Van den Berg JSP, Van Zeijl JH, Rotteveel JJ, Melchers WJG, Gabreëls FJM, and Galama JMD. Neuroinvasion by human herpesvirus type 7 in a case of exanthem subitum with severe neurologic manifestations. Neurology. 1999;52(5):1077–1077.
- Van Heuverswyn J, Hallmaier–Wacker LK, Beauté J, Dias JG, Haussig JM, Busch K, et al. Spatiotemporal spread of tick-borne encephalitis in the EU/EEA, 2012 to 2020. Eurosurveillance. 2023;28(11):2200543.
- Vannier E and Krause PJ. Human Babesiosis. N Engl J Med. 2012;366:2397–2407.
- Vannier E, Gewurz BE and Krause PJ. Human babesiosis. Infect Dis Clin North Am. 2008;22:469–488.

- Vassilenko SM, Vassilev TL, Bozadjiev LG, Bineva IL and Kazarov GZ. Specific intravenous immunoglobulin for Crimean–Congo haemorrhagic fever. *Lancet*. 1990;335:791–792.
- Viral haemorrhagic fevers (VHF). Map [Internet]. Geneva: WHO; https://www.who.int/health-topics/crimean-congo-haemorrhagic-fever#tab=tab_1. Accessed 2023 November 18.
- Walboomers JM, Jacobs MV, Manos MM, Bosch FX, Kummer JA, Shah KV, et al. Human papillomavirus is a necessary cause of invasive cervical cancer worldwide. *J Pathol*. 1999;189:12–19.
- Waldenström J, Lundkvist Å, Falk KI, Garpmo U, Bergström S, Lindgren G, et al. Migrating birds and tickborne encephalitis virus. *Emerg Infect Dis*. 2007;13:1215–1218.
- Wang A, Pang Z, Liu L, Ma Q, Han Y, Guan Z, et al. Detection and phylogenetic analysis of a novel tick-borne virus in Yunnan and Guizhou provinces, southwestern China. *Pathogens*. 2021;10(9):1143.
- Wang G, Tian X, Peng R, Huang Y, Li Y, Li Z, et al. Genomic and phylogenetic profiling of RNA of tick-borne arboviruses in Hainan Island, China. *Microbes Infect*. 2023:105218.
- Wang G. *Molecular Medical Microbiology* 2nd ed. Elsevier Academic Press; 2015, Chapter 104, *Borrelia burgdorferi* and other *Borrelia* species; 1867–1909.
- Wang S, Zhao T, Yu X, Lin Z, Hua X, and Cui L. Characterization of tick viromes collected from dogs in China. *Biosaf*. 2020;2(2):79–88.
- Wang YC, Wei Z, Lv X, Han S, Wang Z, Fan C, et al. A new nairo-like virus associated with human febrile illness in China. *Emerg Microbes Infect*. 2021;10(1):1200–1208.
- Wang ZD, Wang B, Wei F, Han SZ, Zhang L, Yang ZT, et al. A new segmented virus associated with human febrile illness in China. *N Engl J Med*. 2019;380(22):2116–2125.
- Watt G and Strickman D. Life-threatening scrub typhus in a traveler returning from Thailand. *Clin Infect Dis*. 1994;18:624–626.
- Weinert LA, Araujo-Jnr EV, Ahmed MZ and Welch JJ. The incidence of bacterial endosymbionts in terrestrial arthropods. *Proc Biol Sci*. 2015;282:20150249.
- Werren J, Baldo L and Clark ME. *Wolbachia*: master manipulators of invertebrate biology. *Nat Rev Microbiol*. 2008;6:741–751.
- White GF. Sacbrood. *Bull US Dep Agric*. 1917;431:1–55.
- Whitehouse CA, Kuhn JH, Wada J and Ergunay K. Identifying and Investigating Viral Diseases. 1st ed. New York: Springer; 2015, Global Virology I; Family *Bunyaviridae*;199–246.
- Woldehiwet Z. The natural history of *Anaplasma phagocytophilum*. *Vet Parasitol*. 2010;167(2–4):108–122.
- Woods J. Lumpy skin disease—a review. *Trop Anim Health Prod*. 1988;20:11–17.
- Wormser GP, Dattwyler RJ, Shapiro ED, Halperin JJ, Steere AC, Klempner MS, et al. The clinical assessment, treatment, and prevention of lyme disease, human

- granulocytic anaplasmosis, and babesiosis: clinical practice guidelines by the Infectious Diseases Society of America. *Clin Infect Dis*. 2006;43:1089–1134.
- Xu H, Zhang Q, Guan H, Zhong Y, Jiang, F, Chen Z, et al. High incidence of a novel *Rickettsia* genotype in parasitic *Haemaphysalis longicornis* from China–North Korea Border. *Sci Rep*. 2019;9:5373.
- Yabsley MJ, Varela AS, Tate CM, Dugan VG, Stallknecht DE, Little SE, et al. *Ehrlichia ewingii* infection in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). *Emerg Infect Dis*. 2002;8(7):668.
- Yamaguti N, Tipton VJ, Keegan HL and Toshioka S. *Ixodid* ticks of Japan, Korea and the Ryukyu Islands. *Brigham Young University science bulletin, biological series*:1971;15:110–111.
- Yamauchi T and Mori G. Preliminary study on the tick (Acari: *Ixodidae*) infestation of wild birds in the eastern part of Shimane Prefecture, Japan. *Med Entomol Zool*. 2004;55(4):329–332.
- Yin H, Luo J, Guan G, Gao Y, Lu B, Zhang Q, et al. Transmission of an unidentified *Theileria* species to small ruminants by *Haemaphysalis qinghaiensis* ticks collected in the field. *Parasitol Res*. 2002;88:S25–S27.
- Yong DL, Liu Y, Bing WL, Española CP, Choi CY and Kawakami K. Migratory songbirds in the East Asian–Australasian flyway: a review from a conservation perspective. *Bird Conserv Int*. 2015;25(1):1–37.
- Yoo JR, Oh JH, Lee KH and Song SW. Serological evidence of tick-borne encephalitis virus infection in South Korea, 2015–2018. *Ticks Tick Borne Dis*. 2020;11:101408.
- Yoshikawa T, Fukushi S, Tani H, Fukuma A, Taniguchi S, Toda S, et al. Sensitive and specific PCR systems for detection of both Chinese and Japanese severe fever with thrombocytopenia syndrome virus strains and prediction of patient survival based on viral load. *J Clin Microbiol*. 2014;52:3325–3333.
- Yoshikawa T, Shimojima M, Fukushi S, Tani H, Fukuma A, Taniguchi S, et al. Phylogenetic and geographic relationship of Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome virus in China, South Korea, and Japan. *J Infect Dis*. 2015;212:889–898.
- Yoshikawa T. Vaccine development for severe fever with thrombocytopenia Syndrome. *Viruses*. 2021;13:627.
- Young KM, Corrin T, Wilhelm B, Uhland C, Greig J, Mascarenhas M, et al. Zoonotic *Babesia*: A scoping review of the global evidence. *PLoS One*. 2016;14:e0226781.
- Yu XJ, Liang MF, Zhang SY, Liu Y, Li JD, Sun YL, et al. Fever with thrombocytopenia associated with a novel *bunyavirus* in China. *N Engl J Med*. 2011;364:1523–1532.
- Yu ZM, Chen JT, Qin J, Guo JJ, Li K, Xu QY, et al. Identification and characterization of Jingmen tick virus in rodents from Xinjiang, China. *Infect Genet Evol*. 2020;84:104411.
- Yue Y and Barry PA. Chapter 5 Rhesus cytomegalovirus: A nonhuman primate model

- for the study of human cytomegalovirus. *Adv Virus Res.* 2008;72:207–226.
- Yun SM, Lee YJ, Choi W, Kim HC, Chong ST, Chang KS, et al. Molecular detection of severe fever with thrombocytopenia syndrome and tick-borne encephalitis viruses in ixodid ticks collected from vegetation, Republic of Korea, 2014. *Ticks Tick Borne Dis.* 2016;7:970–978.
- Yun Y, Heo ST, Kim G, Hewson R, Kim H, Park D, et al. Phylogenetic analysis of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in South Korea and migratory bird routes between China, South Korea, and Japan. *Am J Trop Med Hyg.* 2015;93:468–474.
- Zechmeisterová K, Javanbakht H, KvičEROVÁ J, and ŠIROKÝ P. Against growing synonymy: Identification pitfalls of *Hepatozoon* and *Schellackia* demonstrated on North Iranian reptiles. *Eur J Protistol.* 2021;79:125780.
- Zell R. *Picornaviridae*—the ever-growing virus family. *Arch Virol.* 2018;163:299–317.
- Zhang X, Li H, Jiang FC, Zhu F, Zhang YF, Chen JJ, et al. A Zoonotic Henipavirus in febrile patients in China. *N Engl J Med.* 2022;387:470–472.
- Zhang X, Li HY, Shao JW, Pei MC, Cao C, Huang FQ, et al. Genomic characterization and phylogenetic analysis of a novel Nairobi sheep disease genogroup *Orthonairovirus* from ticks, Southeastern China. *Front Microbiol.* 2022;13:977405.
- Zhang XA, Li H, Jiang FC, Zhu F, Zhang YF, Chen JJ, et al. A zoonotic henipavirus in febrile patients in China. *N Engl J Med.* 2022;387:470–472.
- Zhou H, Yang Q, Shen L, Yao Y, Xu J, Ye J, et al. Seawater-associated highly pathogenic *Francisella hispaniensis* infections causing multiple organ failure. *Emerg Infect Dis.* 2020;26(10):2424.
- Zhu CQ, He T, Wu T, Ai L, Hu D, Yang XH, et al. Distribution and phylogenetic analysis of Dabieshan tick virus in ticks collected from Zhoushan, China. *J Vet Med Sci.* 2020;82:1226–1230.
- Zohaib A, Zhang J, Saqib M, Athar MA, Hussain MH, Chen J, et al. Serologic evidence of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus and related viruses in Pakistan. *Emerg Infect Dis.* 2020;26(7):1513–1516.

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술고도화지원사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표하는 때에는 반드시 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술고도화지원사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀 유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안 됩니다.