

122013-2

국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안

최종보고서

2024 농림축산식품부
농림식품기술기획평가원

바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구

보안 과제(), 일반 과제() / 공개(), 비공개() 발간등록번호()
가축질병대응기술고도화지원사업 2023년도 최종보고서

발간등록번호

11-1543000-004654-01

국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구

납본일자 : 2024. 06. 18

주관연구기관 / 강원대학교 산학협력단

농림축산식품부
(전문기관)농림식품기술기획평가원

제출문

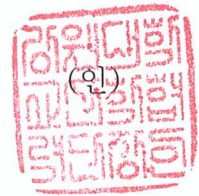
제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구”(개발기간 : 2022. 04. 01. ~ 2023. 12. 31.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

납본일자 2024.06.18.

주관연구기관명 : 강원대학교 산학협력단 장 철 성



주관연구책임자 : 오 연 수



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

최종보고서										보안등급 일반[√], 보안[]	
중앙행정기관명		농림축산식품부			사업명		사업명			가축질병대응 기술고도화지원	
전문기관명 (해당 시 작성)					내역사업명 (해당 시 작성)		국내외 신변종 바이러스 협력체계 구축				
공고번호		제 농축 2022-17호			총괄연구개발 식별번호 (해당 시 작성)						
					연구개발과제번호			122013-2			
기술 분류	국가과학기술 표준분류	LB0701 수의 전염병	80%	LB0702 수의 공중보건	10%	LB0710 동물 질병예방	10%				
	농림식품과학기술분 류	RB0201 동물질병관리	60%	RB0203 수의공중보건	20%	RB0299 기타 수의예방	20%				
총괄연구개발명 (해당 시 작성)		국문		영문							
연구개발과제명		국문		국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산 모델 연구							
		영문		ASEAN virome analysis, database construction, and infection mechanism and spread model research for preemptive response to domestic invasion							
주관연구개발기관		기관명		강원대학교 산학협력단		사업자등록번호		221-82-10213			
		주소				법인등록번호		-			
연구책임자		성명		오연수		직위		부교수			
		연락처		직장전화 전자우편		휴대전화		국가연구자번호 10410750			
연구개발기간		전체		2022. 04. 01. - 2023. 12. 31.(21개월)							
		단계 (해당 시 작성)		1단계		2022. 04. 01. - 2023. 12. 31.(21개월)					
연구개발비 (단위: 천원)		정부지원 연구개발비		기관부담 연구개발비		그 외 기관 등의 지원금 지방자치단체 기타()				연구개발비 외 지원금	
		현금		현금 현물		현금 현물		현금 현물		합계	
총계		968,000		0 0		0 0		0 0		968,000 0 968,000 0	
1단계		1년차		416,000 0 0		0 0		0 0		416,000 0 416,000 0	
		2년차		552,000 0 0		0 0		0 0		552,000 0 552,000 0	
공동연구개발기관 등 (해당 시 작성)		기관명		책임자		직위		휴대전화		전자우편	
공동연구개발기관		-		-		-		-		-	
위탁연구개발기관		-		-		-		-		-	
연구개발담당자 실무담당자		성명		이상준		직위		대학원생			
		연락처		직장전화 전자우편		휴대전화		국가연구자번호 11702059			

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

2024년 6월 18일

연구책임자: 오연수 (인)

주관연구개발기관의 장: 장철성 (직인)

농림축산식품부장관·농림식품기술기획평가원장 귀하

< 요약 문 >

※ 요약문은 5쪽 이내로 작성합니다.

사업명	가축질병대응 기술고도화지원			총괄연구개발 식별번호 (해당 시 작성)			
내역사업명 (해당 시 작성)	국내외 신변종 바이러스 협력체계 구축			연구개발과제번호		122013-2	
기술 분류	국가과학기술 표준분류	LB0701 수의 전염병	80%	LB0702 수의 공중보건	10%	LB0710 동물 질병예방	10%
	농림식품 과학기술분류	RB0201 동물질병관리	60%	RB0203 수의공중보건	20%	RB0299 기타 수의예방	20%
총괄연구개발명 (해당 시 작성)							
연구개발과제명	국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전 체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구						
전체 연구개발기간	2022. 04. 01. - 2023. 12. 31.(21개월)						
총 연구개발비	총 968,000천원 (정부지원연구개발비: 968,000천원)						
연구개발단계	기초[√] 응용[] 개발[] 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	국내 토착 질병 및 국내 유입 우려 신변종 감염병에 대한 국 제 협력연구를 통해 국내외 신변종 바이러스 협력체계를 구축					
	전체 내용	<ul style="list-style-type: none"> • 국제 협력을 통한 바이러스 예찰/특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 국제협력 기반 구축을 위한 MOU 체결 - 국제협력 체계 구축을 위한 국제 심포지엄 내 특별세션 운영 • 국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명 <ul style="list-style-type: none"> - 가축질병 바이러스 연구를 위한 국내 야생 동물 샘플 수집 - 바이러스 감염 순환 구조 파악을 위한 무인센서카메라를 이 용한 축사 주변 야생동물 서식 현황 모니터링을 위한 연구 대상지 선정 및 연구체계 구축 • 신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립 • 침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발 					
연구개발성과	특허등록 1건, 기술이전 1건, 논문(SCI) 4건, 논문(비SCI) 5건, 국내외 학술발표 13건, 인력양성 2건, 정책활용 1건, MOU체결 2건, 심포지엄개최 1건						
연구개발성과 활용계획 및 기대 효과	가. 연구개발성과의 활용방안 ○ 국제협력 전문가 인적네트워크 조직 - 아시안 가축-야생동물 병원성 바이러스 협력체계 구축을 위한 기반을 마련함으 로써 향후 국내에 신종 병원성 바이러스 발생시 정보공유, 공동대응방안 마련 등 방						

역정책 과학자 자문회의의 아시안 워킹그룹로서 활용 가능함.

○ **국내·외 가축-야생동물 시료 DB구축**

- 국내·외 가축 및 야생동물에서 확보한 Genomic DNA는 바이롬(virome)분석은 물론이고 마이크로바이옴(microbiome)의 분석에도 활용함으로써 병원성바이러스와 병원성 미생물의 탐지 모두에 활용할 수 있는 등 중요한 유전자원으로서의 가치를 지님.

○ **병원성바이러스의 유전정보 빅데이터 확보**

- 병원성 바이러스의 유전정보의 빅데이터는 신·변종의 탐색을 가능하게 하고, 분자 네트워크를 통한 확산경로도 예측하게 가능하게 하며, 인실리코(In Silico)분석을 통한 감염기전 연구를 수행할 수 있게 함으로써, 향후 국내에서 병원성 바이러스의 확산 루트 파악, 피해규모와 대응 규모 예측 등을 가능하게 함으로써 방역정책 수립에 기여함.

○ **병원성바이러스의 국제 수준의 진단법 확립**

- 국내 침입 가능성이 가장 우려되는 렘피스킨바이러스의 유전체 시퀀스정보를 확보하여 이들이 국내 침입할 경우 정밀하게 탐지할 수 있는 진단기법을 개발함으로써 발생 초기에 선제적으로 대응할 수 있게 함.

○ **침입 우려되는 병원성 바이러스들의 국내 확산 예측모델 개발**

- 침입이 우려되는 렘피스킨바이러스 등을 예찰하기 위한, 발견 예상 hotspot 지역선정과 장기 탐지 모니터링 지점 선정 등에 기여

나. 연구개발성과의 기대효과

○ **기술적 측면**

- 국제적 수준의 진단법 개발로 주요 위해 우려 병원성 바이러스의 조기 발견을 통해 축산 재난 방어를 위한 한국형 안전 축산시스템 구축
 - 예찰, 역학조사, 사후관리 등이 가능한 유전체 빅데이터 기반 축산농가 서비스 지원 플랫폼으로써 확장 개발 가능

○ **경제적/산업적 측면**

- 본 연구의 유전체 진단기술을 이용하여 시공간적 축산 질병의 조기발견과 효율적인 관리를 통해 향후 관련 방역의 예산 절감 기대
 - 정부, 민간의 등 고위험성 가축질병 대응 활동 및 산업 정책 결정의 근거 마련
 - 축산 농장 간, 가축과 야생동물간 병원성 바이러스 확산 네트워크 예측·예찰 시스템을 구축함으로써 근린지역 서식 야생동물들의 관리 정책 수립에 기여
 - 감염기전 연구 및 확산모델 연구 등을 통해 침입이 우려되는 가축 바이러스들에 대해 사전에 확산의 범위, 피해 규모를 예측함으로써 피해 절감 방안을 마련하는 데 기여

○ **사회적 측면**

- 유전체분석에 기반한 체계적·과학적 예측·예찰 가능한 가축 질병 관리 체계를 홍보함으로써 국내산 축산물에 대한 신뢰도 향상

연구개발성과의 비공개여부 및 사유

연구개발성과의 등록·기탁 건수	논문	특허	보고서 원문	연구 시설·장비	기술 요약 정보	소프트웨어	표준	생명자원		화합물	신품종	
								생명 정보	생물 자원		정보	실물
9		1										

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)	아시아 협력		데이터베이스		감염기전		확산모델	바이러스 유전체	
영문핵심어 (5개 이내)	ASEAN cooperation		database		infection mechanism		spread model	Virome	

〈 목 차 〉

1. 연구개발과제의 개요	7
2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행내용	12
3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도	68
4. 목표 미달 시 원인 분석(해당없음)	75
5. 연구개발성과 및 관련 분야에 대한 기여 정도	76
6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획	76

※ 각 항목에서 요구하는 정보를 포함하여 연구개발과제의 특성에 따라 항목을 추가하거나 항목의 순서와 구성을 변경하는 등 서식을 수정하여 사용하거나 별도의 첨부자료 활용이 가능합니다.

1. 연구개발과제의 개요

- 바이러스는 모든 생물종 중 가장 다양하고 풍부함. 이들은 모든 범위의 종을 감염시키고, 주기적으로 새로운 숙주를 감염시킬 수 있으며 때때로 심각한 질병의 원인이 됨. 수십 년간 병원성 바이러스의 출현 및 재출현은 세계적 우려 사항이었음. 이에 따라 동물 질병 연구 역시 메타게놈 분석 등의 기술과 함께 발전해옴. 현재 진행 중인 메타게놈 분석 연구들은 동물의 바이러스성 질병과 바이러스 생태계 (viroisphere)의 다양성에 대한 지식을 확장시키기 시작함. 그러나 수많은 바이러스가 시퀀싱 되었음에도 바이러스 생태계 대부분이 규명되지 않은 채로 남아있음.
- 최근 아프리카돼지열병과 코로나바이러스감염증-19 발생으로 신변종 바이러스성 감염병에 대한 국민의 관심이 나날이 높아지고 있음. 우리나라에서는 가축에 대한 감염병이 사실상 매년 발생하고 있으며 이로 인한 가축의 살처분, 발생 지역 이동 제한, 축산물 가격 급등이 심각한 사회·경제적 손실을 일으키고 있음. 본 연구의 목표가 되는 가축 동물 중 우제류 가축의 경우 현재 다음과 같은 질병이 주로 발생함 (표 1).

표 1. 국내 발생 주요 우제류 바이러스성 질병 및 원인체 목록 (출처: 농림축산검역본부, NCBI)

질병명	병원체명	구분	NCBI 시퀀스 데이터 현황
아프리카돼지열병	African swine fever virus (<i>Asfviridae</i>)	제1종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 144 Sequence reads: 1
구제역	Foot-and-mouth disease virus (<i>Picornaviridae</i>)	제1종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 8 Sequence reads: 1
돼지열병	Classical swine fever virus (<i>Flaviviridae</i>)	제1종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 27 Sequenece reads: 1
소탄저병	<i>Bacillus anthracis</i> (<i>Bacillaceae</i>)	제2종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 304 Sequence reads: 6
돼지생식기호흡기 증후군	Porcine reproductive and respiratory syndrome virus (<i>Arteriviridae</i>)	제3종 가축전염병 (일반관리병원체)	Genome assemblies: 2 Sequence reads: 2
돼지유행성설사	Porcine epidemic diarrhea virus (<i>Coronaviridae</i>)	제3종 가축전염병 (일반관리병원체)	Genome assemblies: 44 Sequence reads: 1
소바이러스성설사병	Bovine viral diarrhea virus (<i>Flaviviridae</i>)	농림축산검역본부장 지정 병원체 (일반관리병원체)	Genome assemblies: 6
돼지서코바이러스 감염증	Porcine circovirus type 2 (<i>Circoviridae</i>)	농림축산검역본부장 지정 병원체 (일반관리병원체)	Genome assemblies: 2423
소코로나바이러스 감염증	Bovine coronavirus (<i>Coronaviridae</i>)	농림축산검역본부장 지정 병원체 (일반관리병원체)	Genome assemblies: 2 Sequence reads: 1

- 앞서 언급한 주요 질병 중에서도 구제역과 아프리카돼지열병은 국가재난형 가축전염병으로 분류됨. 구제역의 경우 해외에서의 유입이 주요한 발생 원인으로 지목된 바 있으며 (표 2), 아프리카돼지열병은 야생동물의 이동으로 인한 국내 유입이 주요 발생 원인으로 추정되고 있음 (농림축산검역본부). 이러한 상황에서 해당 질병이 인접한 국가로부터 유입되는 것을 방지하고 변이에 대응할 수 있는 유효한 백신주를 사전 선정하기 위해 이전부터 유기적인 국제협력의 중요성이 대두됨.

표 2. 2000년~2019년 구제역 발생 사례 및 원인 (출처: 농림축산검역본부)

구분	2000	2002	2010.01 (포천)	2010.04 (강화)	2010/2011 (안동)	2014
기간	3.24~4.15	5.2~6.23	1.2~1.29	4.8~5.6	'10.11.28~' 11.4.21	7.23~8.6
혈청형	O (PanAsia)	O (PanAsia)	A (A/Asia/Sea-97)	O (SEA)	O (SEA)	O (SEA)
원인 (추정)	수입진초 해외여행객	외국인 근로자	외국인 근로자	농장주 해외여행	농장주 해외여행	경로 미상
구분	2014/2015	2016	2017		2018	2019
기간	'14.12.3~ '15.4.28	1.11~3.29	2.5~13	2.8	3.26~4.1	1.28~31
혈청형	O (SEA)	O (SEA)	O (Q/MESA/Ind2001e)	A (A/Asia/Sea-97)	A (A/Asia/Sea-97)	O (Q/MESA/Ind2001e)
원인 (추정)	경로 미상	잔존 바이러스	경로 미상	경로 미상	경로 미상	경로 미상

- 일반적인 가축전염병뿐 아니라 국내 유입이 우려되는 신·변종 감염병의 경우 야생동물이 주요 전파 요인으로 간주됨. 대표적인 신종 감염병의 예시로 럼피스킨병(Lumpy skin disease), 니파바이러스감염증(Nipah virus infection), 웨스트나일열(West Nile fever)을 들 수 있음 (표 3). 이러한 신종 바이러스성 감염병은 축산업을 비롯한 공중보건 전체에 사회적·경제적으로 매우 큰 손실을 줄 수 있어 이 질병을 꾸준히 추적하고 새로운 유전적 변이를 규명하는 것이 매우 중요함. 이로 인해 단순 국제협력 시스템의 구축뿐 아니라 야생동물에 대한 선제적 모니터링도 중요하게 여겨짐.
- 럼피스킨병, 니파바이러스, 웨스트나일바이러스를 포함한 신종 바이러스성 감염병에 대한 연구가 이미 원숭이를 포함한 다양한 동물 모델에서 진행된 바 있음. 럼피스킨병은 현재 인도네시아를 제외한 동남아시아 각지에서 발생함. 인도네시아와 태국에서는 인간 표본에서 웨스트나일바이러스가 검출되었으며 국내에서도 집비둘기에서 웨스트나일바이러스가 검출되었다고 보고된 바 있음. 니파바이러스는 말레이시아에서 처음 발생하였고 동남아시아 지역에서 지속적으로 인간을 감염시킴.

표 3. 해외 유입 가능성이 높은 바이러스 3종에 관한 연구 현황(출처: 농림축산검역본부, NCBI)

질병명	병원체명	구분	NCBI 시퀀스 데이터 현황
럼피스킨병	Lumpy skin disease virus (<i>Poxviridae</i>)	제1종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 44
니파바이러스감염증	Nipah virus (<i>Paramyxoviridae</i>)	농림축산검역본부장 지정 병원체 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 14
웨스트나일열	West Nile virus (<i>Flaviviridae</i>)	제2종 가축전염병 (특별관리병원체)	Genome assemblies: 3

- 대략 60~80%의 신종 감염병 (Emerging infectious diseases)이 야생동물로부터 기인함. 특히 기후 변화와 더불어 농경지, 축사 등에 있는 야생동물 및 가축의 배설물로 오염된 축사나 경작지 내 작은 물구덩이 등에 접촉한 사람에 의한 축사의 생물학적 오염이 증가되고 있는 추세로, 신종 감염병 출현시 야생동물로부터 인간과 가축에 대한 병원체 유출은 주요 우려 사항임. 따라서 이러한 문제에 있어 병원체를 신속히 규명하고 전파의 발원지를 통제하는 것이 우선되며 이와 더불어 신종 감염병에 대한 바이러스 분포와 가축 및 야생동물에서의 생태학적 다양성을 파악하는 것은 신종 감염병의 예방과 통제에 매우 중요함.
- 관련된 연구의 일환으로 가축동물에서 바이러스 자료가 구축되어야 하며 가축동물 주변의 야생동물(peri-domestic wildlife; 설치류, 오소리, 너구리, 박쥐, 까마귀, 까치 등 사체 섭식 청소동물(scavengers))의 바이러스 자료 구축 또한 함께 수행되어야 함.
- 마이크로바이옴이란 미생물과 그들의 유전체 커뮤니티 집합을 뜻함. 그들이 숙주에 미치는 생리학적 영향, 즉 신진대사와 면역기능뿐 아니라 행동학적 영향이 잘 알려져 있음. 그러나 대부분의 가축전염병 및 신변종 감염병이 바이러스에서 기인함에도 동물숙주와 바이러스의 연관성 연구는 부족한 실정임. 이러한 맥락에서 바이러스와 유전체 커뮤니티 집합인 바이롬(virome) 또한 연구되어야 함. 메타게놈 연구 방법을 통하여 기존 알려진 병원체뿐 아니라 아직 알려지지 않은 바이러스 변이와 진화, 숙주와의 유전적 연관성을 선제적으로 추적하고 감시하는 것이 가능함.
- 야생 자이언트판다 (*Ailuropoda melanoleuca*)의 분변 표본을 통해 바이롬을 연구한 결과 해당 동물로부터 발견된 피코르나바이러스목 (*Picornavirales*)과 *Genomoviridae*과의 바이러스가 이전에 조류에서 발견된 바이러스들과 높은 상동성을 보유하는 것이 드러났음. 또한 *Smacoviridae*과에 속하는 새로운 고세균성 바이러스가 브라질의 야생동물에서 규명됨.
- 이러한 사례를 고려할 때 바이러스 커뮤니티의 특성과 유전정보 및 생태학적 분포를 파악하는 것은 신·변종 바이러스의 신속한 규명과 그에 대한 대처를 가능케 하며 이를 통해 잠재적 야생동물 유래 신종 감염병이 공중보건에 미치는 피해를 최소화할 수 있음.
- 인수공통감염병의 출현이 증가하는 추세에 따라 가축과 야생동물에서의 바이롬 연구 또한 중요해짐. 건강한 개체와 질병 개체에서의 바이롬 특성화에 대한 연구가 아직 진행 중이기는 하나 이들로 인한 인체와 가축에서의 면역조절 작용을 정확하게 이해하기 위해서는 특정 바이러스의 상관관계와 이들을 식별하는 것이 매우 중요함. 나아가 이러한 맥락에서 잠재적

인수공통감염병의 원인체 바이러스를 특정하는 작업이 필요함. 그러한 작업의 일환으로써 바이러스 감염 기전의 분석이 이루어질 것이며 이를 위해 *in silico* 방식을 활용할 예정임.

- 최근 10년간 동남아시아 지역은 공중보건 체계의 미비, 빠른 인구 증가 및 잠재적 야생동물 숙주의 풍부성으로 인해 신·변종 감염성 질병의 발생 장소가 되어왔음. 현재 동남아시아 국가의 열대우림 지역은 목재 생산용 숲, 농경지, 대규모 고무 농장, 가축을 위한 목초지로 개발되고 있음. 이러한 열대우림의 변화는 주위 생태계 또한 변화시키며 신·변종 감염병의 발생과 확산에 있어 중요한 원인으로 꼽힘.
- 열대우림 지역을 개발하여 인간과 가축의 서식지가 확장되면 가용 식량자원의 증가로 인해 박쥐와 야생조류뿐만 아니라 일부 야생 영장류와 비가축성 공생 설치류(synanthropic rodents) 같은 다양한 야생동물 또한 인간 및 가축과 서식지를 공유하게 됨. 이들과 접촉이 증가하면 지역 내 인간과 가축에 대한 병원체의 전파력이 증대될 가능성도 높아짐.
- 동남아시아 지역은 지정학적으로 중동 및 아프리카 지역과 동북아시아 지역의 다리 역할을 하므로 이들 지역을 거쳐 전파되는 병원체의 변이를 조사하고 예찰하기에 적합함. 2020년 해외의 한 연구에서는 말레이시아 서쪽에 분포하는 야생조류에게서 분리된 16개의 웨스트나일 바이러스가 남아프리카에서 분리된 것과 99%의 유사성을 갖는 것이 보고된 바 있음.
- 동남아시아 지역 야생동물로부터 해당 지역의 가축 질병 (표 4)과 국내 유입 가능성이 있는 주요 신변종 바이러스, 더불어 현재 알려지지 않은 병원성 바이러스의 유전정보 빅데이터를 사전에 확보하기 위하여 해당 국가와 국제협력 체계를 구축하고 이러한 질병에 선제적으로 대응하기 위한 기반을 마련하는 연구가 필요함.

표 4. 동남아시아 지역 발생 주요 우제류 바이러스 리스트(출처: WOAH)

질병	광견병	럼피스킨병	구제역	소바이러스성설사병
병원체	Lyssa virus (Rabies virus) (<i>Rhabdoviridae</i>)	Lumpy skin disease virus (<i>Poxviridae</i>)	Foot and mouth disease virus (<i>Picornaviridae</i>)	Bovine viral diarrhea virus (<i>Flaviviridae</i>)
국가	방글라데시 인도네시아 라오스 미얀마 태국	방글라데시 캄보디아 말레이시아 미얀마 태국 베트남	방글라데시 캄보디아 라오스 말레이시아 미얀마 태국 베트남	인도네시아 말레이시아
질병	아프리카돼지열병	돼지생식기호흡기증후군	돼지열병	소전염성비기관염
병원체	African swine fever virus (<i>Asfarviridae</i>)	Porcine reproductive and respiratory syndrome virus (<i>Arteriviridae</i>)	Classical swine fever virus (<i>Flaviviridae</i>)	Bovine herpesvirus 1 (<i>Herpesviridae</i>)

국가	캄보디아 인도네시아 라오스 말레이시아 미얀마 태국 베트남	캄보디아 인도네시아 라오스 미얀마 태국 베트남	캄보디아 인도네시아 말레이시아 미얀마 싱가포르 태국 베트남	인도네시아 말레이시아
질병	돼지인플루엔자(신종 인플루엔자 A)	소류코시스		돼지오제스키병
병원체	Influenza A viruses (<i>Orthomyxoviridae</i>)	Bovine leukemia virus (<i>Retroviridae</i>)		Pseudorabies virus (Suid herpesvirus 1) (<i>Herpesviridae</i>)
국가	인도네시아 태국	인도네시아 태국		말레이시아
질병	뉴캐슬병	돼지전염성위장염		블루텡병
병원체	Newcastle disease virus (<i>Paramyxoviridae</i>)	Transmissible gastroenteritis virus (<i>Coronaviridae</i>)		Bluetongue virus (<i>Reoviridae</i>)
국가	말레이시아	미얀마		싱가포르

- 최종적으로 본 과제의 목적은 국내 도착 질병 및 국내 유입 우려 신변종 감염병에 대한 국제협력 연구를 통해 국내외 신변종 바이러스 협력체계를 구축하는 것임. 세부적 연구 목적으로는 첫째, 국제협력을 통한 바이러스 예찰/특성 규명으로 선제적 대응 구축, 둘째, 국내외 가축 질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명, 셋째, 신·변종 가축질병 초기 유입·발생시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립 등임.

2. 연구개발과제의 수행 과정 및 수행 내용

2.1. 연구개발과제의 최종 목표

- 국내 토착 질병 및 국내 유입 우려 신변종 감염병에 대한 국제 협력연구를 통해 국내외 신·변종 바이러스 협력체계를 구축

2.2. 연구개발과제의 단계별 목표

- 국제협력을 통한 바이러스 예찰/특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축
 - 1) 국제협력 기반 구축을 위한 MOU 체결
 - 2) 국제협력 체계 구축을 위한 국제 심포지엄 내 특별세션 운영
- 국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명
 - 1) 가축질병 바이러스 연구를 위한 국내 야생 동물 샘플 수집
 - 2) 바이러스 감염 순환 구조 파악을 위한 무인센서카메라를 이용한 축사(축우) 주변 야생동물 서식 현황 모니터링을 위한 연구대상지 선정 및 연구체계 구축
- 신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립
- 침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발
 - 1) 해외 사례연구

















2.3. 연구 수행 내용

가. 국제협력을 통한 바이러스 예찰/특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축

1) 국제협력 기반 구축을 위한 MOU 체결

- 강원대학교 산학협력단은 베트남과 방글라데시의 중요한 기관들과 협력을 강화하기 위해 MOU를 체결했음. 이 협약에 따라 베트남의 Central Vietnam Veterinary Institute와 방글라데시의 Islamic University Biotechnology and Genetic Engineering과의 간에 협력이 이뤄질 것으로 예상됨. 이를 통해 베트남의 바이러스학 부서 및 방글라데시의 생명공학 및 유전공학 부서가 함께 연구 및 교류를 추진할 것임. 담당자로는 베트남 측의 Do Van Tan 연구원과 방글라데시 측의 Md-Mafizur Rahman 조교수가 참여함.

표 5. 베트남/방글라데시 - 강원대학교 산학협력단 간 MOU 체결

국가	베트남		방글라데시
MOU 기관	Central Vietnam Veterinary Institute		Biotechnology and Genetic Engineering, Islamic University
담당자	성명	Do Van Tan	Md-Mafizur Rahman
	부서	Department of Virology	Biotechnology and Genetic Engineering
	직위	연구원	조교수
	주소		
증빙 서류	<p>IN WITNESS WHEREOF, both Parties has executed and signed this MOU in duplicate, keep each</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"> <div style="text-align: center;"> <p>KNU</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Cheolsaeng Jang</p> <p>Title: President of University-Industry Cooperation Foundation, Kangwon National University</p> <p>Date: 7/20/2022</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>IVRI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Vu Khai Hung</p> <p>Title: Vice Director of Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam</p> <p>Date: 7/20/2022</p> </div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;"> <p>PI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Yeonsu Oh</p> <p>Title: Professor of College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University</p> <p>Date: 7/20/2022</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>PI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Do Van Tan</p> <p>Title: Department of Virology, Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam</p> <p>Date: 7/20/2022</p> </div> </div>		<p style="text-align: center;">ARTICLE 4 PERFORMANCE</p> <p>4.1. Both Parties shall faithfully perform the matters specified in this MOU, based on the principle of good faith.</p> <p>4.2. Neither Party shall disclose any matters that are assigned or have been assigned during a course of the discussion and negotiation with the other Party without any prior consent of the other Party in advance and the disclosing party shall compensate the non-disclosing party for all damages arising from the breach of this clause.</p> <p style="text-align: center;">ARTICLE 5 TERMINATION</p> <p>When it is impossible to execute this MOU, mutually and peacefully, either Party may terminate this MOU through mutual discussions with the other Party, in which case, the Party shall give written notice on the termination of this MOU to the other Party no later than one (1) month before termination.</p> <p style="text-align: center;">ARTICLE 6 MISCELLANEOUS</p> <p>6.1. Where there is any ambiguity in the interpretation of any clause of this MOU, or there is any matter to discuss, both Parties shall make a clarification or decision.</p> <p>6.2. Any other matters not specified in this MOU shall be specified through appropriate discussion of both Parties.</p> <p>6.3. Unless otherwise provided by mutual agreement, this MOU shall become effective on the date of its executing and shall remain in full force and effect for three (3) years.</p> <p>IN WITNESS WHEREOF, both Parties has executed and signed this MOU in duplicate, keep each.</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"> <div style="text-align: center;"> <p>KNU</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Cheolsaeng Jang</p> <p>Title: President of University-Industry Cooperation Foundation, Kangwon National University, Garamneobukgi, Chunchon-si, Gangwon-do, Republic of Korea</p> <p>Date: November 7, 2022</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>BI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Professor Dr. Md. Mafizur Rahman</p> <p>Title: Dean, Faculty of Biological Science, Islamic University, Kushtia-7903, Bangladesh</p> <p>Date: November 02, 2022</p> </div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;"> <p>PI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Yeonsu Oh</p> <p>Title: Professor of College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Garamneobukgi, Chunchon-si, Gangwon-do, Republic of Korea</p> <p>Date: November 1, 2022</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>PI</p>  <p>Signature: </p> <p>Name: Dr. Md. Mafizur Rahman</p> <p>Title: Professor, Department of Biotechnology and Genetic Engineering, Faculty of Biological Science, Islamic University, Kushtia-7903, Bangladesh</p> <p>Date: November 1, 2022</p> </div> </div>

○ 본 연구진은 보다 긴밀한 국제협력 관계를 구축하고자 국내 연구진과 함께 베트남을 방문하여 현지에서 프로젝트 논의를 진행하고 국내 연구진이 직접 채취한 샘플로부터 유전자 추출 실험을 진행하였음. 이를 통해 침입 우려 신, 변종 바이러스의 유입에 있어서 국제협력의 중요성을 확인하였고, ASF와 LSD의 백신 접종 전후의 샘플을 확보할 수 있었음. 본 과제에서는 기확보한 시료를 활용할 것이며 이는 미발생 및 재유입 벡터 매개성 전염병의 선제적 대응 고도화의 중요한 기반이 될 것임.



베트남 Central Vietnam Veterinary Institute

한국과 베트남 연구진의 협력 기념촬영

주관연구책임자의 한국-베트남 협력 프로젝트 발표

실무진 간의 시료 샘플 유전자 추출 프로토콜 점검

그림 1. 베트남 중앙 수의학 연구소와 협력활동


2) 국제 심포지엄 개최

○ 강원대학교 산림과학연구소 2022년 국제심포지엄 내 세션 운영

- 심포지엄명 : 2022 International symposium of Institute of Foreast Science
- 날짜 : 2022. 10. 21.
- 장소 : 강원대학교 산림환경과학대학 1호관 608호
- 주요 내용
 - 세션 제목 : Virome Database Construction, Infection Mechanism and Spread Model Research for Preemptive Response to Virus Spread

- 제목 및 타이틀

구분	제목 및 발표자
1	The spread of lumpy skin disease in Asia (Prof. Yung Chul Park, Kangwon National University, Republic of Korea)
2	Transmission dynamics, molecular identification, and genomic characterization of lumpy skin disease virus in Bangladesh (Prof. M Mafizur Rahman, Islamic University, Bangladesh)
3	Phylogenetic analysis of emerging infectious diseases in pigs and cattle during 2019-2022 in Vietnam (Dr. Van Tan Do, Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam (IVRD), Vietnam)
4	Visiting pattern of wildlife to agricultural land (Dr. Sangjin Lim, College of Forest & Environmental Sciences and Institute of Forest Science)
5	Perspectives on mathematical models applied to invasive virus diseases for animals (Dr. Tae Soo Chon, Ecology and Future Research Institute, Busan 46228 Republic of Korea)



2022 International symposium
of Institute of Forest Science
for the 40th Anniversary of College of Forest and Environment Science

| DATE October 21, 2022
| PLACE CHUNG KANG HALL, Main Library, Kangwon National University (KNU)
| ORGANIZED BY College of Forest and Environment Science, KNU
The Institute of Forest Science (IFS), KNU

KNU 강원대학교 산림과학연구소

Session 6.

Virome Database Construction, Infection Mechanism and Spread Model Research for Preemptive Response to Virus Spread
- Venue: Build 407 Room 608, College of Forest and Environmental Sciences, Online: <https://kangwon-u-kr.zoom.us/j/97192504433>

Time	Title (Speaker)
Chair : Prof. Yung Chul Park (Kangwon National University, Korea)	
14:00-14:20	The spread of lumpy skin disease in Asia (Prof. Yung Chul Park, Kangwon National University, Republic of Korea)
14:20-14:40	Transmission dynamics, molecular identification, and genomic characterization of lumpy skin disease virus in Bangladesh (Prof. M Mafizur Rahman, Islamic University, Bangladesh)
14:40-15:00	Phylogenetic analysis of emerging infectious diseases in pigs and cattle during 2019-2022 in Vietnam (Dr. Van Tan Do, Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam (IVRD), Vietnam)
15:00-15:20	Coffee Break
15:20-15:40	Visiting pattern of wildlife to agricultural land (Dr. Sangjin Lim, College of Forest & Environmental Sciences and Institute of Forest Science)
15:40-16:00	Perspectives on mathematical models applied to invasive virus diseases for animals (Dr. Tae Soo Chon, Ecology and Future Research Institute, Busan 46228 Republic of Korea)
16:00-16:20	General Discussion

※The Session 6 was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA)(Project No. 122013-2).

그림 3. 강원대학교 산림과학연구소 2022 국제 심포지엄 (좌) 내 세션 운영 (우)

3) 국제 협력을 통한 공동연구 진행

○ 베트남과 긴밀한 국제협력을 통해 270마리 돼지에서 아프리카돼지열병 (ASF) 평균 유병률 13.46%, 270마리의 소에서 럽피스킨 (LSD) 평균 유병률 13.52%를 확인하였음 (그림 3).

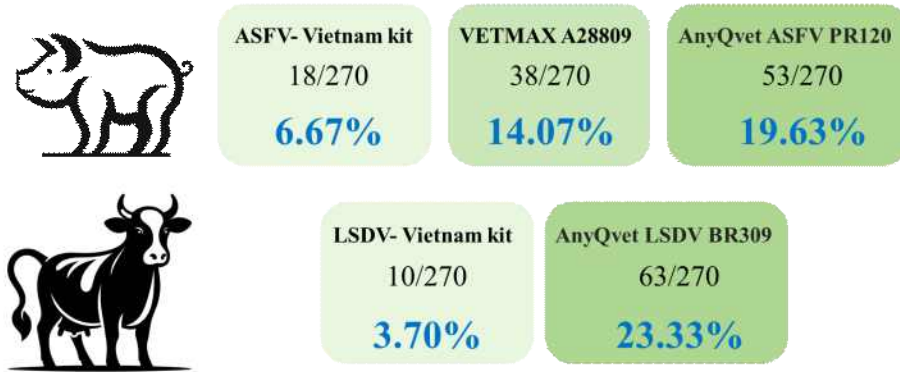


그림 4. 베트남 지역 ASF와 LSD의 진단 방법별 유병률 조사결과

○ 방글라데시 지역 역학조사에 의거하여 위험도평가 LSD 양성조직과 혈액시료를 확보하고 유전자를 추출하고 본 연구진이 셋업한 NGS 장비로 메타지노믹 분석을 완료하여 원본 유전자 데이터를 국내로 들여옴 (표 6).

표 6. 국제협력을 통해 확보한 럽피스킨 시료

샘플 번호	시료 형태	동물	위치	GPS	특이사항	진단 방법	분석
SMC-7	Tissue	Cow	Magura	23.739223, 89.157631	LSD	ELISA	WGS
SMC-20	Tissue	Cow	Khamarpara, Magura	23.578433, 89.3825759	LSD	ELISA	TBD
JSC-44	Tissue	Cow	Sirajganj	24.334829, 89.685976	LSD	ELISA	TBD
JSC-43	Tissue	Cow	Bonbaria, Sholonga	24.418127, 89.488756	LSD	ELISA	WGS
RMC-13	Blood	Cow	Rajnagore, Meherpur	23.733562, 88.712553	LSD	ELISA	WGS
RMC-13	Tissue	Cow	Rajnagore, Meherpur	23.733562, 88.712553	LSD	ELISA	TBD
PNG-3	Tissue	Cow	N/A	N/A	Mastitis	N/A	TBD

4) 시사점

- 동남아시아 지역은 지정학적으로 중동 및 아프리카 지역과 동북아시아 지역의 다리 역할을 하므로 이들 지역을 거쳐 전파되는 병원체의 변이를 조사하고 예찰하는 것은 매우 중요함. 본 연구과제 성과로 방글라데시와 베트남 간 국제 공동연구 네트워크 기반을 구축하였으나 향후 동남아시아 및 동북아시아 국가로 확대, 가축전염병 예찰 및 정보 공유를 위한 공동연구가 지속적으로 필요함.
- 최초 목적 대상 병원체 중 가까운 시일 내 가장 유입 가능성이 높았고, 큰 피해를 유발할 것으로 예상되는 질병은 1종 가축전염병인 렘피스킨병이었음. 따라서 렘피스킨 바이러스에 대해 우선순위를 두고 진행하여 진단 마커를 개발하여 특허 등록 및 기술이전 성과를 달성하였고, 실제로 본 연구과제 수행 기간 동안 렘피스킨이 국내에 유입되어 이에 기여하였음. 향후 후속 연구를 통해 다양한 가축전염병 바이러스에 대한 연구가 필요함.
- 본 과제의 후속 연구는 고위험동물감염병대응기술개발사업 ‘기후변화에 따른 신종 재난형 매개체 전파 가축질병의 정밀 예찰체계 개발’로 본 주관 기관이 선정되어 협약하여 진행 중임. 본 과제를 통해 기 구축한 국제협력을 강화하고, 목적 가축전염병을 확대하여 정밀 예찰체계를 개발하여 국내 가축전염병 방역에 이바지하도록 하겠음.
- 현재 시스템에서는 국제적 연구성과물에 대한 공유 시스템이 미비하기 때문에 자료 공유의 한계가 있음. 지속적인 연구 및 연구 활성화를 위해 국제 가축전염병 자료 공유 시스템 구축이 필요함.

나. 국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명

1) 가축질병 바이러스 연구를 위한 국내 야생 동물 샘플 수집 및 전처리

- 가축질병 바이러스 연구를 위한 기초 데이터 구축을 위해 국내 서식 야생동물의 배설물을 수집하였음. 야생동물에서 분변 외 시료를 수집하는 것은 여러 가지 이유로 제한됨. 첫째, 야생동물은 인간을 피하려는 행동을 보이며, 사람이 접근하기 어려운 서식지에 주로 살기 때문에 다량의 시료를 확보하기 어려움. 둘째, 야생동물을 포획하는 과정은 윤리적 문제로 인해 침습적인 샘플링은 엄격한 윤리적 기준을 준수해야 함. 셋째, 침습적 샘플링에는 야생동물의 서식지로 전문 장비를 이동해야하는 제약이 따름. 또한, 야생동물 샘플 채취에 대한 법적 규제가 엄격하며, 보호종에 대한 샘플 채취는 법적으로 제한될 수 있음. 이러한 이유들로 인해 야생동물 연구에서는 비침습적이고 쉽게 수집할 수 있는 분변 샘플을 선정함.
- 샘플 수집 기간은 2022.05.12.~2023.08.03.이며, 서울, 경기, 강원, 충남, 전남, 경북, 경남 지역에서 총 6목(설치목, 식육목, 우제목, 익수목, 침서목, 토끼목), 10과(고양이과, 멧돼지과, 비단털쥐과, 사슴과, 소과, 애기박쥐과, 족제비과, 쥐과, 침서과, 토끼과), 21종(고라니, 꽃사슴, 노루, 담비, 등줄쥐, 멧돼지, 멧토끼, 붉은박쥐, 비단털쥐, 삵, 애급쥐, 양박쥐, 오소리, 우수리땃쥐, 우수리박쥐, 작은땃쥐, 족제비, 집쥐, 토끼박쥐, 흑염소, 흰넓적붉은다리쥐)의 배설

물을 수집하였으며, 수집 건수는 총 338건(표 7)임.

표 7. 국내 야생동물 배설물 샘플 수집 현황(2022.05.12.~2023.08.03.)

순번	수집 기간	시도	수집 지역	개수(개)			수집 건수(건)
				목(Order)	과(Family)	종(Species)	
1	2022.05.12. ~ 2023.08.03.	서울, 경기	북한산 일대	1	2	2	24
2		경기	경기 포천	1	1	1	1
3		강원	가덕산 일대	3	6	7	17
			태백산 일대	4	8	10	73
강원 정선			1	1	1	1	
강원 춘천			3	4	5	18	
강원 홍천			1	1	1	1	
6			강원 횡성	3	4	5	13
7			설악산 일대	1	1	1	1
8			치악산 일대	4	5	8	51
9		충남	계룡산 일대	2	2	2	17
10			충남 당진	3	3	6	36
11			충남 보령	3	3	4	16
12			충남 서천	2	2	2	12
13			충남 태안	1	1	2	7
14		전남	봉화산 일대	1	2	3	18
15	경북	주왕산 일대	3	5	6	19	
16	경남	경남 하동	2	2	3	13	
총계				6	11	23	338

- 배설물 샘플은 현장에서 발견되는 즉시 TRIzol[®] LS Reagent 용액 50mL가 담긴 1.5mL 튜브에 TRIzol[®] LS Reagent 용액과 샘플 비율이 1:1이 되도록 배설물을 TRIzol[®] LS Reagent 용액에 침지시킨 후 냉장 상태로 보관.
- 분변 샘플에서 DNA 추출은 QIAamp PowerFecal Pro DNA kit(Qiagen, Cat #. 51804)를 이용하고, RNA를 추출하는 방법은 아래와 같음.
- 분변 0.5g + LS-TRIzol 1ml를 40초, 6.0 m/sec의 조건에서 homogenizer(MPbio, Cat #. FP-24 5G)를 이용하여 2번 균질화한 후 크고 무거운 분변 찌꺼기들은 제거하고, 원심분리 2번 진행함. 1회 원심분리 조건은 8,000g, 15분, 4°C에서 진행하며, 2회 원심분리는 초고속 원심분리 조건으로 설정하여 20,000g, 20분, 4°C로 수행함. 원심분리 후 얻어진 상층액 0.3 ml으로 실험 이후 단계들을 진행.
- 상층액에 chloroform을 0.2 ml 넣고, 15초 동안 vortexing하여 섞어준 후 실온에서 3분 동안 방치하고 15분, 13,000 rpm, 4°C의 조건에서 원심분리함. 새로운 1.5 ml EP tube에 약 0.5 ml의 샘플을 옮겨 담고 isopropanol 0.5 ml 넣어주며 이때 상층액과 isopropanol의 비율을 1 : 1~1.5의 비율로 함. Linear acrylamide 5 ul 넣어준 후 inverting하여 섞어주고, 실온에서

10분 동안 방치한 뒤에 재원심분리를 10분, 13,000 rpm, 4℃의 조건에서 수행함. 침전물을 건드리지 않으면서 조심히 상층액을 제거하고 75% ethanol을 넣어 inverting하여 섞어줌. 10분, 13,000 rpm, 4℃의 조건에서 원심분리하고 다시 상층액을 제거하여 침전물을 건조시킴. 10~20 ul의 DW를 재현탁하여 용출하고, -80℃에서 보관하여 사용함.

- 추출된 바이러스의 유전자를 SISPA(Sequence-independent single primer amplification)법을 통하여 증폭한 후 Illumina 장비를 이용한 NGS를 수행하여 전처리 수행.
- 확보한 야생설치류 분변에서 다양한 바이러스를 탐지하고 분석하기 위한 실험으로, 설치류 종에 상관없이 지역을 기준으로 진행되었음. 실험은 주로 Virome 분석을 통해 Hantaan virus와 다양한 바이러스의 존재를 확인하는데 중점을 두었음 (표 8).
- Spiking test의 주 목적은 다양한 바이러스가 설치류 분변 샘플에서 잘 감지되는지 확인하기 위함. 설치류 분변은 일반적인 유전체 분석을 수행하기엔 극미량이며 야생 환경은 분변 시료의 건조 등 실험실로의 즉각적인 운송 제한 등의 어려운 점이 있으므로, 시료를 통한 SISPA-NGS 방법을 검증하는 실험을 우선 진행하였음.

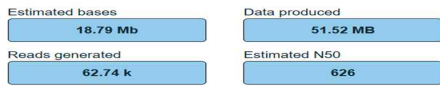
표 8. SISPA-NGS 방법 기반 virome 분석의 표적 바이러스

Species	Family	Genus
Porcine epidemic diarrhea virus	Coronaviridae	Alphacoronavirus
Zika virus	Flaviridae	Flavivirus
Seoul orthohantavirus	Hantaviridae	Orthohantavirus
Gamakvirus	Paramyxoviridae	Henipavirus
Human Rhinovirus	Picornaviridae	Enterovirus
Influenza A virus (H3N2)	Orthomyxoviridae	Alphainfluenzavirus
Influenza B virus (Victoria)	Orthomyxoviridae	Betainfluenzavirus
SARS-CoV2(BA.1)	Coronaviridae	Betacoronavirus
Respiratory Syncytial Virus	Pneumoviridae	Orthopneumovirus
HepatoA virus	Picornaviridae	Hepatovirus

- 시료에서 RNA 추출 후 Nanodrop을 사용해서 RNA 농도를 측정한 결과는 각 바이러스 별로 GAKV (113.7 ng/μl), ZIKV (373.4 ng/μl), PEDV (347 ng/μl), hRV (452.4 ng/μl), SeOV (135.8 ng/μl), IAV (208.6 ng/μl), IBV (266.2 ng/μl), HAV (350.7 ng/μl), SARS-CoV-2 (341.2 ng/μl)임.

Result of Flongle

DATA OUTPUT



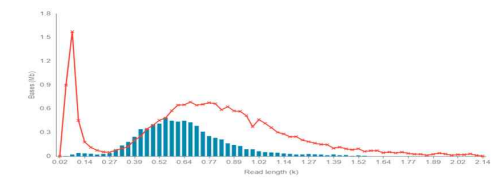
BASECALLING



Sequence output

READ LENGTHS - OUTLIERS REMOVED

The read length graph shows the total number of bases vs the read length. The longest 1% of strands are classified as outliers, and excluded to allow focus on the main body of data.

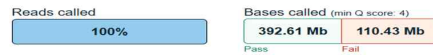


Result of Mk1C

DATA OUTPUT



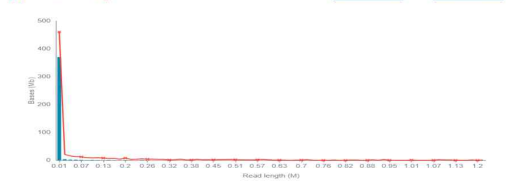
BASECALLING



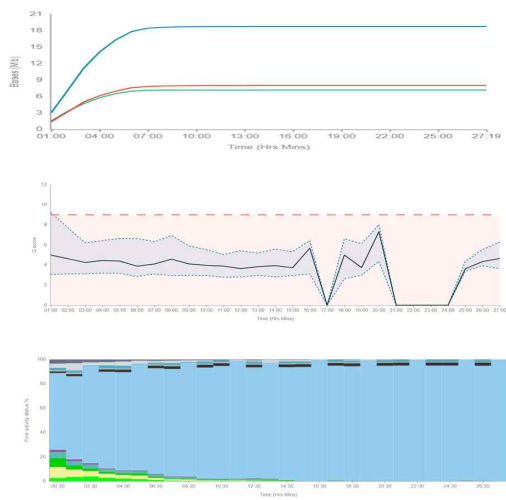
Sequence output

READ LENGTHS - OUTLIERS REMOVED

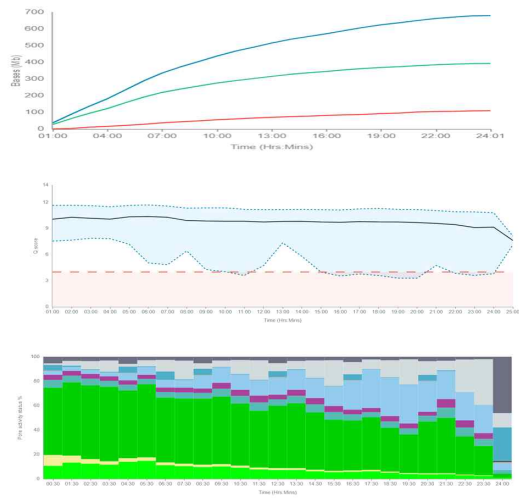
The read length graph shows the total number of bases vs the read length. The longest 1% of strands are classified as outliers, and excluded to allow focus on the main body of data.



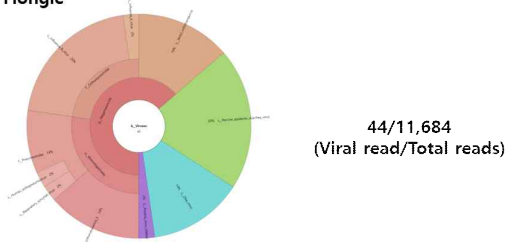
Result of Flongle



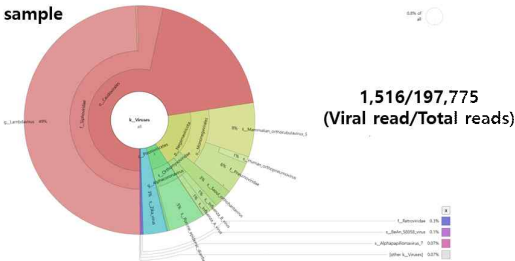
Result of Mk1C



Flongle



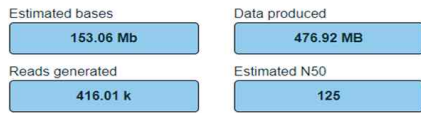
Mk1C sample



	Sample	Virus read	Total viral read
ZIKV	Flongle	6	44
	Mk1C_Sample	50	1516
hRV	Flongle	0	44
	Mk1C_Sample	0	1516
SeOV	Flongle	6	44
	Mk1C_Sample	40	1516
GAKV	Flongle	6	44
	Mk1C_Sample	116	1516
PEDV	Flongle	9	44
	Mk1C_Sample	77	1516
IAV (H3N2)	Flongle	1	44
	Mk1C_Sample	16	1516
IBV (Victoria)	Flongle	9	44
	Mk1C_Sample	18	1516
SARS-CoV-2 (BA.1)	Flongle	0	44
	Mk1C_Sample	0	1516
RSV	Flongle	6	44
	Mk1C_Sample	15	1516
HAV	Flongle	0	44
	Mk1C_Sample	2	1516

그림 4. 특이도 (specificity)를 검증하기 위한 spiking test 결과

DATA OUTPUT



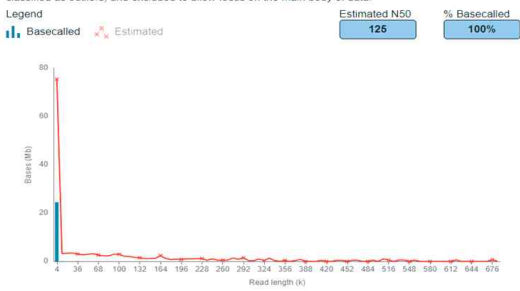
BASECALLING



Sequence output

READ LENGTHS - OUTLIERS REMOVED

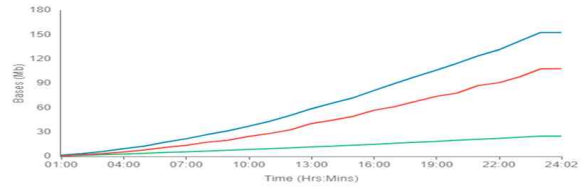
The read length graph shows the total number of bases vs the read length. The longest 1% of strands are classified as outliers, and excluded to allow focus on the main body of data.



Bases

Legend

Estimated: Predicted total number of bases, prior to basecalling.
 Passed: Bases equal to or above the quality score threshold.
 Failed: Bases below the quality score threshold.

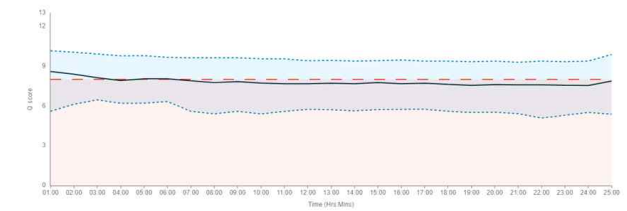


QUALITY SCORE

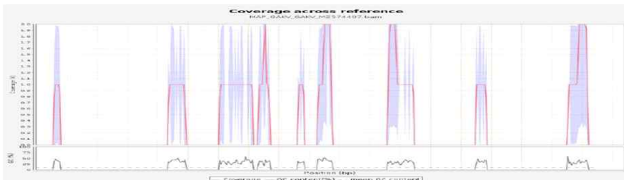
The quality score is calculated as basecalling is performed on your device. Reads that fall below the minimum value of 8 will be classified as failed reads. You can alter the accepted minimum quality score in MinkNOW.

Legend

Mode: The most frequent quality score of reads in the run.
 Spread: The spread of quality scores, found by calculating full width half maximum.
 Min quality score: Minimum quality score to be accepted as a passed read.



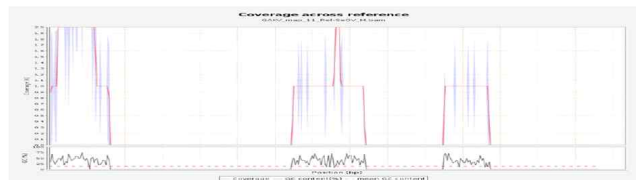
GAKV



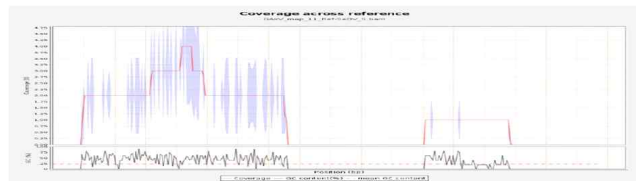
SeoV_L



SeoV_M



SeoV_M



	Mapped read	Percentage of identity	Average depth	Total read
GAKV	9	15.6131	0.184746	21,310
SeoV_L	6	31.5256	0.411668	39,640
SeoV_M	6	20.7044	0.228025	39,640
SeoV_S	5	53.0508	0.952516	39,640

그림 5. 민감도 (sensitivity)를 검증하기 위한 spiking test 결과

- 실험 결과, 대부분의 표적 바이러스가 설치류 분변시료에서 잘 탐지됨을 확인하였으며, Flongle보다 MkIC를 사용한 결과가 더 정확하게 바이러스를 탐지할 수 있음을 확인함. 본 결과를 후속 연구에 적용하여 데이터베이스 구축에 활용할 것임.

2) 바이러스 감염 순환 구조 파악을 위한 무인센서카메라를 이용한 축사(축우) 주변 야생동물 서식 현황 모니터링

가) 연구 내용

- 축사 주변에 서식하는 야생동물 서식 현황 및 야생동물의 축사 출입을 파악하여 모델 숙주인 가축동물과 근린지역 야생동물(peri-domestic wildlife)(설치류, 멧돼지, 고라니, 오소리, 너구리, 삵 등의 청소동물(scavenger) 사이의 유전자 네트워크 분석을 통한 감염의 순환 구조(가축동물 간, 야생동물 간, 가축-야생동물 간, 지역간) 규명에 뒷받침 될 수 있는 데이터 구축을 위하여 축사(축우) 주변에 무인센서카메라를 설치하여 축사 주변에 서식하는 야생동물의 서식 현황 및 야생동물의 축사 출입현황을 파악해 바이러스 유입과 전파에 대한 야생동물의 실제적·잠재적 영향을 모니터링 함.
- 또한, 축사 주변에 서식하는 설치류를 대상으로 추가적인 포획 조사를 진행하여 방목농장(농가2) 인근의 설치류 서식실태를 확인하였음.

나) 연구 방법

(1) 연구 기간 : 2022. 11. ~ 2023. 05. (7개월)

(2) 연구 대상지

- 강원도 횡성 일대 소 사육 농가 인근 산림.
- 농가 1(축사) - 인접 4대(농가로부터 100m 내외 이격), 인근 4대(농가로부터 400m 내외 이격)(표 12, 그림 6).



그림 6. 강원도 횡성군 청일면 소 농가 주변 무인센서카메라 설치 지점.

○ 농가 2(축사+방목) - 인접 4대(농가로부터 150m 내외 이격), 인근 4대(농가로부터 450m 내외 이격)(표 12, 그림 7).



그림 7. 강원도 횡성군 둔내면 소 농가 주변 무인센서카메라 설치 지점.

표 13. 무인센서카메라 설치 지역 및 현황

지역	구분(농가로부터의 이격 거리 기준)	카메라명
강원도 횡성군 청일면	인접	CI01
		CI02
		CI03
		CI04
	인근	CI05
		CI06
		CI07
		CI08
강원도 횡성군 둔내면	인접	DN01
		DN02
		DN03
		DN04
	인근	DN05
		DN06
		DN07
		DN08

(3) 모니터링 및 분석방법

(가) 무인센서카메라를 이용한 농가주변 야생동물 모니터링

- 농가 주변 야생동물 출현 종 확인 및 종별 출현 빈도를 계산하여 상대풍부도지수(Relative Abundance Index, RAI)를 분석. 상대풍부도지수 산출식(Arroyo-Arce *et al.* 2017)

RAI (Relative Abundance Index)

$$= 100 * \text{events} * \text{camera trap nights} / \text{sampling effort}$$

- events: 해당 종 기록된 사진 수
- camera trap nights: 표준단위
- sampling effort: 무인센서카메라가 운영된 총 일수

(나) 서면 트랩을 이용한 설치류 포획 조사

- 연구기간 : 2023. 6. 19 ~ 2023. 6. 20.
- 연구 대상지 : 강원도 횡성 일대 농가 2(축사+방목) 인근 산림.
- 포획 방법
: 일몰 전 서면 트랩에 유인 미끼를 일정량 넣어 총 100의 트랩을 방목 농장 인근 산림에 설치. 트랩 설치 다음날 일출 후 설치한 트랩 수거 및 포획된 설치류의 종, 성별 확인.



그림 8. 방목 농장(농가 2) 현장 사진.



그림 9. 서면 트랩을 설치한 모습.



그림 10. 포획된 위치 좌표 기록.



그림 11. 포획 개체 핸들링.

다) 연구 결과

(1) 무인센서카메라를 이용한 농가주변 야생동물 모니터링

(가) 농가 1(인접) 야생동물 출현 종 및 상대풍부도

○ 농가 1(인접)에서 평균 6종의 동물이 출현했으며, 출현 종별 상대풍부도 평균은 8.25이었음. 종별 평균 상대풍부도는 고라니 (50.25)가 가장 높았으며, 다음으로 노루 (8.00), 멧돼지 (7.50)가 높은 상대풍부도를 보였음. 지점별로는 CI02 (8,18), CI03 (7,96), CI04 (3,22) CI01 (2,00) 순으로 높은 평균 상대풍부도를 보였음. 가장 다양한 야생동물이 출현한 지점은 CI03(8종)이었음(그림 12).

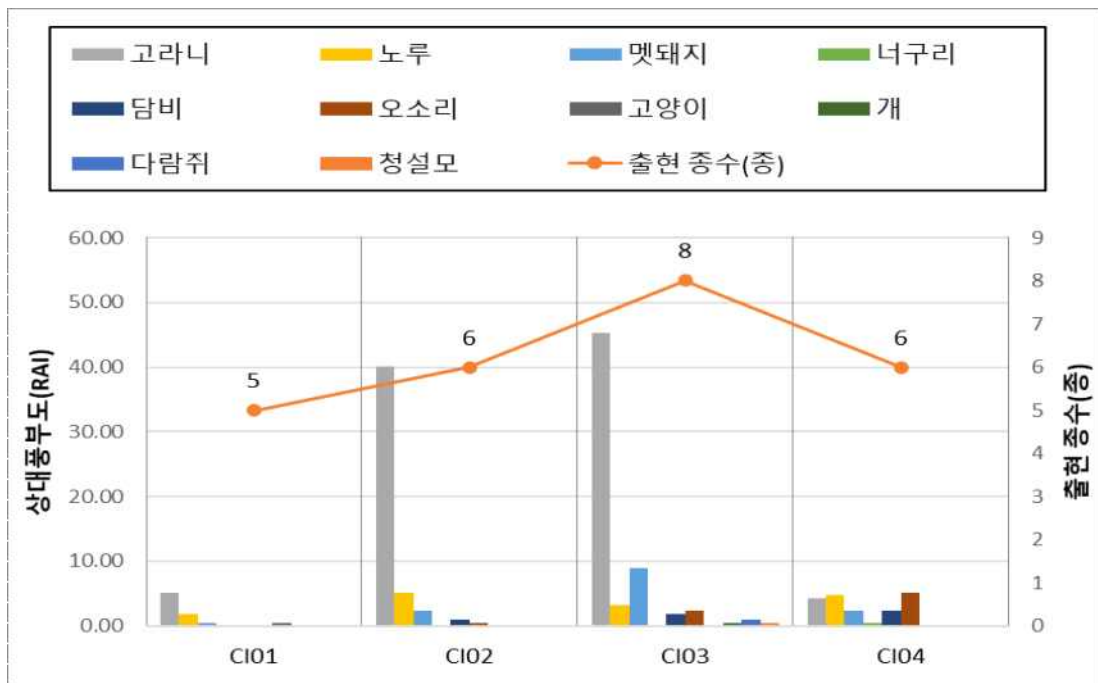


그림 12. 농가 1(인접) 출현 야생동물 및 상대풍부도

(나) 농가 1(인근) 야생동물 출현 종 및 상대풍부도

- 농가 1(인근)에서 평균 10종의 동물이 출현했으며, 출현 종별 상대풍부도 평균은 10.25였음. 종별 평균 상대풍부도는 고라니(76.25)가 가장 높았으며, 다음으로 너구리(11.25), 오소리(10.75)가 높은 상대풍부도를 보였음. 지점별로는 CI06(9.11), CI07(8.06), CI05(7.84) CI08(3.96) 순으로 높은 평균 상대풍부도를 보였음. 가장 다양한 야생동물이 출현한 지점은 CI07(13종)이었음(그림 13).

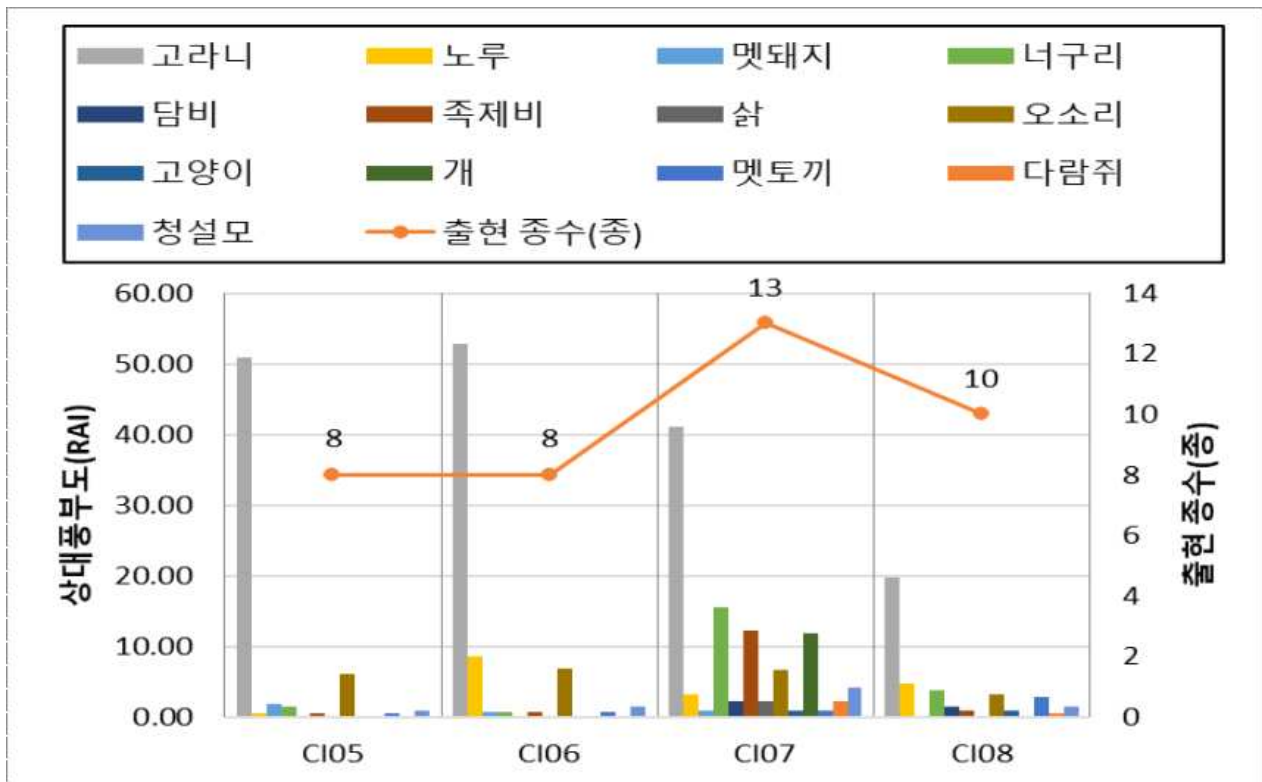


그림 13. 농가 1(인근) 출현 야생동물 및 상대풍부도

(다) 농가 2(인접) 야생동물 출현 종 및 상대풍부도

- 농가 2(인접)에서 평균 8종의 동물이 출현했으며, 출현 종별 상대풍부도 평균은 8.59였음. 종별 평균 상대풍부도는 고라니(39.75)가 가장 높았으며, 다음으로 노루(23.00)가 높은 상대풍부도를 보였음. 지점별로는 DN01(7.02), DN02(6.72), DN03(4.42) DN04(3.67)순으로 높은 평균 상대풍부도를 보였음. 가장 다양한 야생동물이 출현한 지점은 DN04(9종)이었음(그림 14).

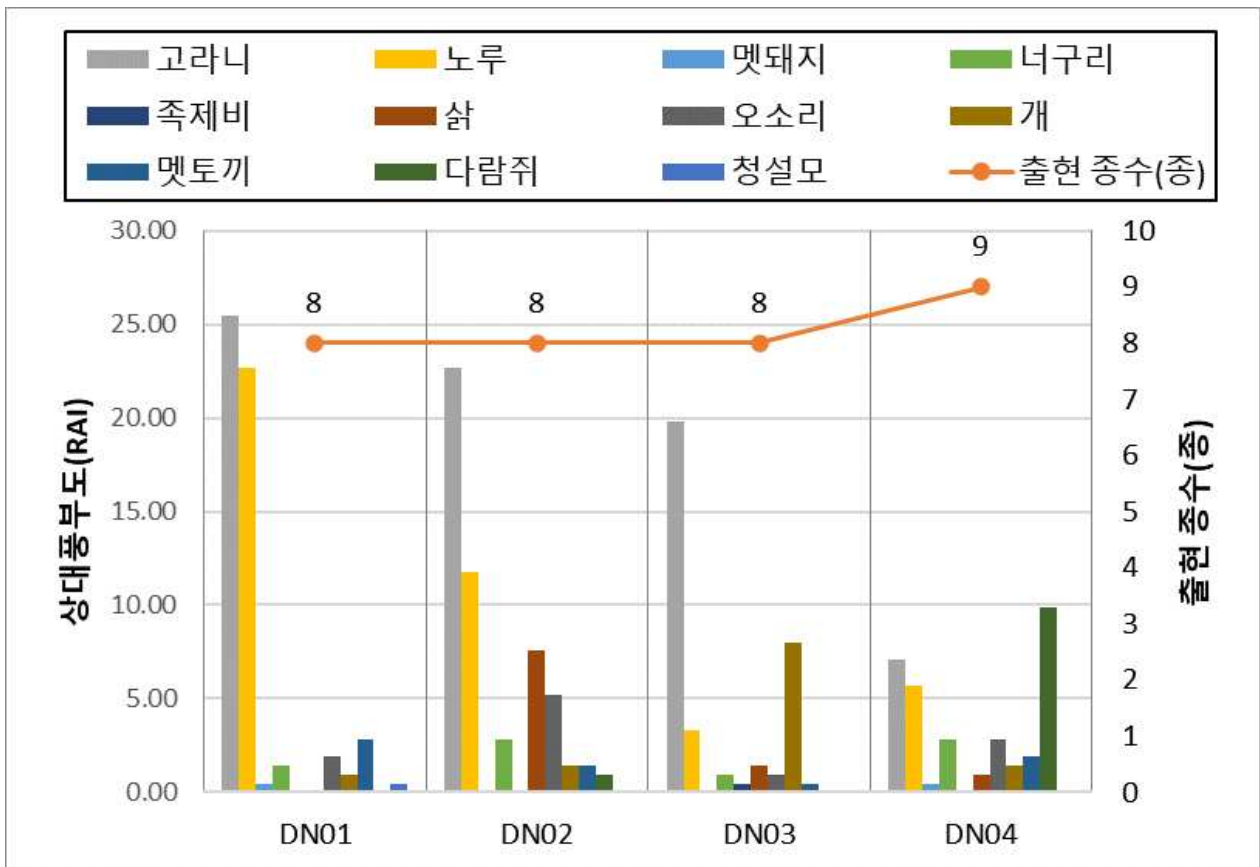


그림 14. 농가 2(인접) 출현 야생동물 및 상대풍부도

(라) 농가 2(인근) 야생동물 출현 종 및 상대풍부도

- 농가 2(인근)에서 평균 6종의 동물이 출현했으며, 출현 종별 상대풍부도 평균은 13.14였음. 종별 평균 상대풍부도는 고라니(61.75)가 가장 높았으며, 다음으로 노루(57.25)가 높은 상대풍부도를 보였음. 지점별로는 DN06(14.70), DN07(14.31), DN05(10.67) DN08(7.02)순으로 높은 평균 상대풍부도를 보였음. 가장 다양한 야생동물이 출현한 지점은 DN05와 DN08로, 각각 총 8종이 출현했음(그림 15).

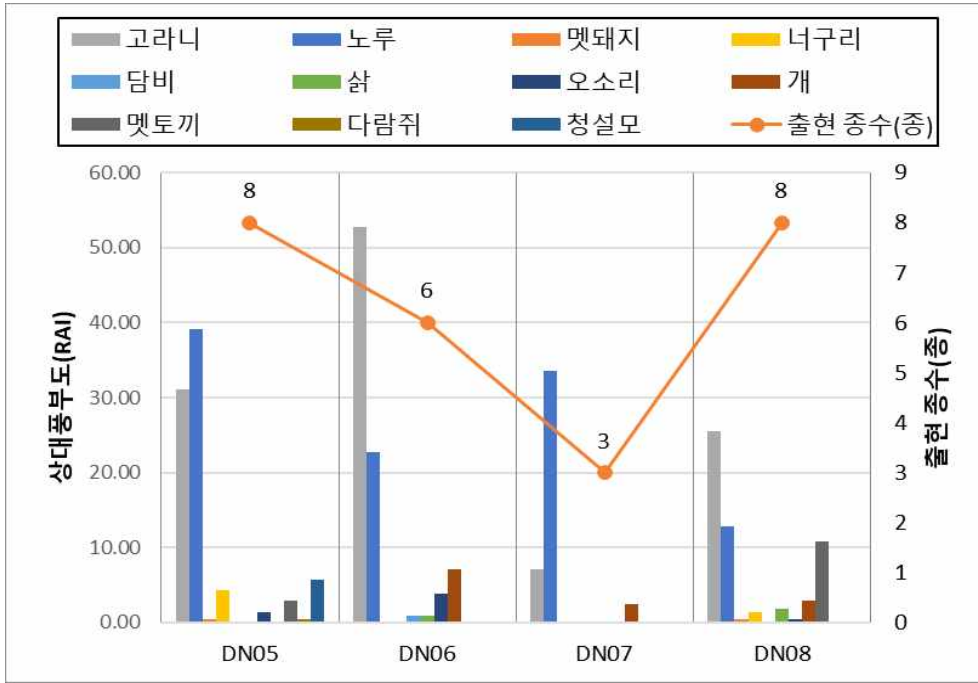


그림 15. 농가 2(인근) 출현 야생동물 및 상대풍부도

(마) 지역별 야생동물 상대풍부도(RAI) 비교

- 각 지역별 출현 야생동물의 종별 상대풍부도 평균을 비교했을 때, 농가 2(인근)이 가장 높았고(13.14), 농가 1(인근)(10.25), 농가 2(인접)(8.59) 순으로 높았으며, 농가 1(인접)이 가장 낮았음(8.25). 즉, 농가로부터 이격 거리가 먼 산림일수록 야생동물의 상대풍부도가 높았으며, 축사만 있는 농가 1에 비해 방목 농장을 같이 운영하는 농가 2에서 야생동물의 상대풍부도가 높았음.
- 종별 상대풍부도를 살펴보면, 고라니와 노루가 모든 구획에서 가장 높은 상대풍부도를 가졌으며 식육목의 경우에는 농가 1(인근)에서 가장 높은 상대풍부도를 보였음(그림 16).

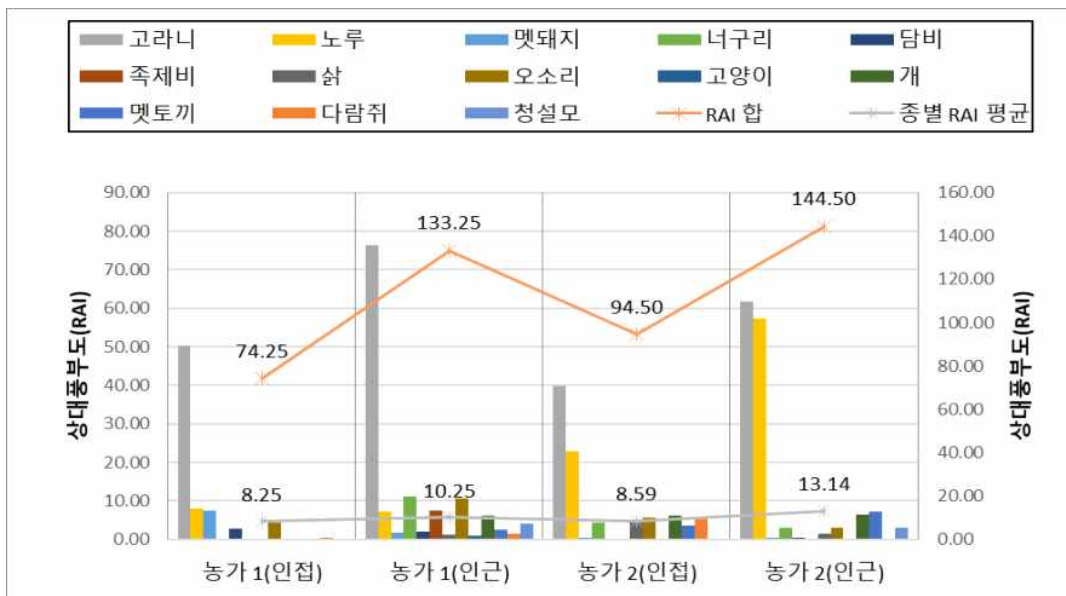


그림 16. 각 구획별 상대풍부도 비교

○ 지역별 평균 11종이 출현했으며, 모든 지역에서 전체 출현 종(총 14종, 하늘다람쥐 포함) 중 거의 대부분의 종이 확인되었음. 따라서 농가 1과 2 주변 산림에 다양한 야생동물이 서식하나 농가로부터 먼 산림일수록 출현 종이 다양하고 야생동물 상대풍부도가 높은 것으로 보아 농가 주변으로의 모든 야생동물 출입 가능성은 비교적 낮을 것으로 예상됨.

표 15. 격자별(총 16개) 포유류 출현 현황

목 (Order)	종 (Species)	각 격자에서 관찰된 종															
		농가 1(인접)				농가 1(인근)				농가 2(인접)				농가 2(인근)			
		CI 01	CI 02	CI 03	CI 04	CI 05	CI 06	CI 07	CI 08	DN 01	DN 02	DN 03	DN 04	DN 05	DN 06	DN 07	DN 08
우제목 (Artiodactyla)	고라니 (<i>Hydropotes inermis</i>)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	노루 (<i>Capreolus pygargus</i>)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	멧돼지 (<i>Sus scrofa</i>)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
식육목 (Carnivora)	너구리 (<i>Nyctereutes procyonoides</i>)				0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	담비 (<i>Martes flavigula</i>)		0	0	0			0	0						0		
	삾 (<i>Prionailurus bengalensis</i>)							0			0	0	0		0		0
	오소리 (<i>Meles leucurus</i>)		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0
	개 (<i>Canis lupus familiaris</i>)			0				0		0	0	0	0		0	0	0
	족제비 (<i>Mustela sibirica</i>)					0	0	0	0			0					
	고양이 (<i>Felis catus</i>)	0						0	0								
토끼목 (Lagomorpha)	멧토끼 (<i>Lepus coreanus</i>)					0	0	0	0	0	0	0	0	0			0
설치목 (Rodentia)	다람쥐 (<i>Tamias sibiricus</i>)			0				0	0		0		0	0			
	청설모 (<i>Sclurus vulgaris</i>)			0		0	0	0	0	0				0			
	하늘다람쥐 (<i>Pteromys volans</i>)	0															
합계(종)	14	5	5	8	6	8	8	13	10	8	8	8	9	8	6	3	8

(2) 방목 농장(농가 2) 주변 설치류 포획 결과

○ 총 7마리 포획했으며, 등줄쥐(*Apodemus agrarius*)와 대륙밭쥐(*Craxomys regulus*)가 농가 2 주변 산림에 서식하는 종으로 확인되었음(그림 17, 표 15). 즉, 방목 농장 내외부로 설치류의 출입이 있음을 확인하였고 설치류 매개 바이러스의 농가로의 유입 가능성을 시사함.

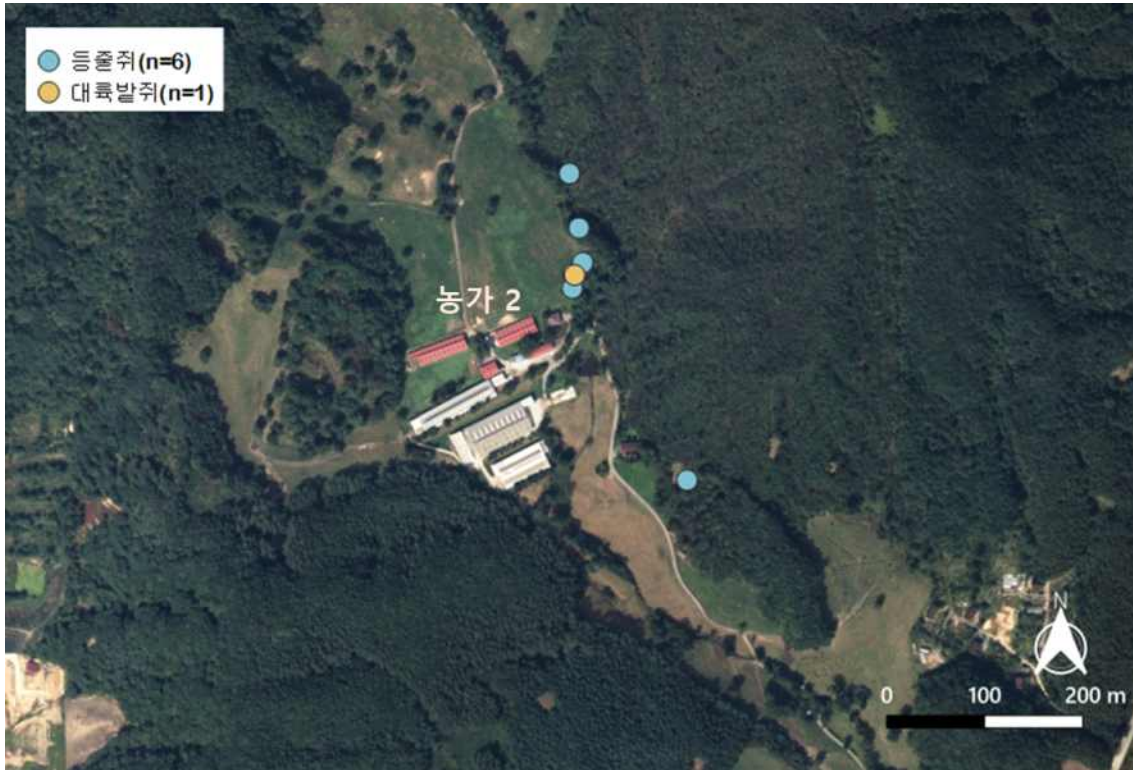


그림 17. 농가 2 주변에서 서식하는 설치류의 포획 지점(QGIS, 3.16.9).

표 16. 농가 2 주변에서 포획된 설치류의 개체 정보.

종	순번	성별	포획 위치 좌표	
			x	y
대륙밭쥐	1	암컷	128.25586	37.54856
등줄쥐	1	수컷	128.25712	37.54666
	2	수컷	128.25583	37.54844
	3	수컷	128.25584	37.54857
	4	수컷	128.25595	37.54867
	5	수컷	128.255811	37.549490
	6	암컷	128.255913	37.548988

(3) 시사점

- 국가재난형 가축전염병이 해외에서의 유입이 주요 발생 원인이지만 최근 발생되고 있는 아프리카돼지열병은 해외에서 유입된 이후 야생 멧돼지가 주요 요인으로 지속적으로 양돈농가에서 발생하고 있는 실정임(농림축산검역본부).
- 그간 국내 가축전염병 대응에서 근린 야생동물과 축산농가간 감염병 전파경로 연구는 전무한 실정였으며, 본 연구에서는 근린 야생동물의 가축전염병 전파 가능성이 확인됨.
- 본 연구에서는 근린 야생동물과 축산농가의 전파 가능성이 확인되었지만, 연구가 초기 단계로 다양한 축산 농가에 대한 연구를 진행하지 못한 한계가 있음.
- 축산업의 가축전염병 대응을 위해 근린 야생동물 및 매개체의 축산농가로 전파도 매우 중요함을 확인하였기에 향후 후속 연구에서 이에 대한 질병 연구가 필요함.

나. 신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립

가) 연구 내용

- 소 림피스킨병 바이러스(LSDV) 검출용 Real-time PCR kit 제작 및 특허 등록

나) 연구 내용

(1) 재료 및 방법

- Gene Synthesis

- LSDV의 G-protein-coupled chemokine receptor (GPCR) 유전자 전체 서열 1,146 bp (GenBank accession no. OL977078.1)와 실험의 internal control로 사용할 소(*Bos taurus*)의 β -actin 전체 서열 1,951 bp (Gene ID:280979)는 유전자 합성(Generay Biotech, China)을 통해 확보

- 합성된 DNA 클론을 제한효소 EcoR I과 Hind III로 이중 절단하고 전기영동한 후, 아가로즈 겔로부터 LSDV-GPCR과 소 β -actin (BtACTb) 절편을 정제하여 이 후 실험 사용. 아가로즈 겔로부터 DNA 절편 정제는 Biomedic® Gel& PCR purification kit (Biomedic Co., Ltd., Bucheon, Korea)를 사용하여 제조사의 지침에 따라 수행하였고, 정제한 DNA 절편은 DeNovix DS-11+ Spectrophotometer (DeNovix, Wilmington, DE, USA)를 이용해서 정량 및 정성 분석

- Primer and hydrolysis probe design

- LSDV-GPCR과 BtACTb를 검출하기 위한 특이적 프라이머 및 internal probe는 Primer-BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>)를 이용하여 특이성 검증 과정을 거쳐 제작하였다(표 15). Taqman 방식으로 real-time PCR을 실행하기 위해, internal probe는 5' -fluorophore로 FAM modification 및 3' -quencher로 BHQ1 modification을 진행

표 16. 프라이머 정보

Oligo name	Sequence (5'-->3')	Length	Amplicon
qPCR-LSDV-F1	ATGTTACAACGCCTTCAACTTATGA	25	159 bp
qPCR-LSDV-R1	GTCCAAAACCTGTAGTATCCACACC	25	
qPCR-LSDV-internal1	FAM-TGAAGTGAGCATAGTCGATATCCCACA-BHQ1	27	
qPCR-BtACTb-F1	CTTTCTTCTCTGAGCTGAGTCTCC	24	128 bp
qPCR-BtACTb-R1	CCTACACCCACAGCACTTTATG	22	
qPCR-BtACTb-internal1	HEX-CCCCAGCTGGAATCTTTTCTGGTGT-BHQ1	26	

- Analytical sensitivity measurement

- LSDV-GPCR과 internal control인 BtACTb를 증폭하기 위해 제작한 프라이머 및 probe의 검출 감도 측정은 DNA 절편을 copy number 및 농도별로 1/10씩 희석한 후, 이를 주형으로 real-time PCR을 수행하여 측정하였고, DNA copy number은 다음식에 따라 계산하였음.

$$\text{Copy number} = [(X \text{ ng}) \times (6.022 \times 10^{23} \text{ molecules/mole})] / [(N \times 660 \text{ g/mole}) \times (1 \times 10^9 \text{ ng/g})]$$

X, DNA 양(ng); N, DNA 길이(nt)

- Real-Time PCR

- PCR 반응액 조성은 1.0 μL DNA, 2.0 μL gene-specific primers (forward, reverse 각각 10 μM stock), 0.4 μL 형광 internal probe (10 μM stock), 10.0 μL 2x TOPreal™ Probe qPCR PreMIX (Enzymomics, Korea), 6.6 μL 멸균 증류수를 혼합하였고, real-time PCR은 LightCycler® 480 II real-time PCR system (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Germany)에서 수행하였음.
- PCR 조건은 95°C에서 10분간 열변성한 후, 95°C 10초, 60°C 30초, 72°C 1초 과정을 55~65회 반복하였음. Real-time PCR은 모든 시료 조건별로 2~3회 기술적 반복(technical replicates)하여 수행하였음.

다) 연구 결과

(1) Gene synthesis

- 합성한 LSDV의 GPCR 전체 서열 1,146 bp (GenBank accession no. OL977078.1)와 BtACTb 전체 서열 1,951 bp (Gene ID:280979)는 sequencing raw data (Chromatogram) 확인 및 제한 효소 절단 양상 분석을 통해 재검정하고, original 서열과 sequence alignment를 통해 error를 검정한 후, 실험에 사용하였음 (그림 18).

(A)



(B)

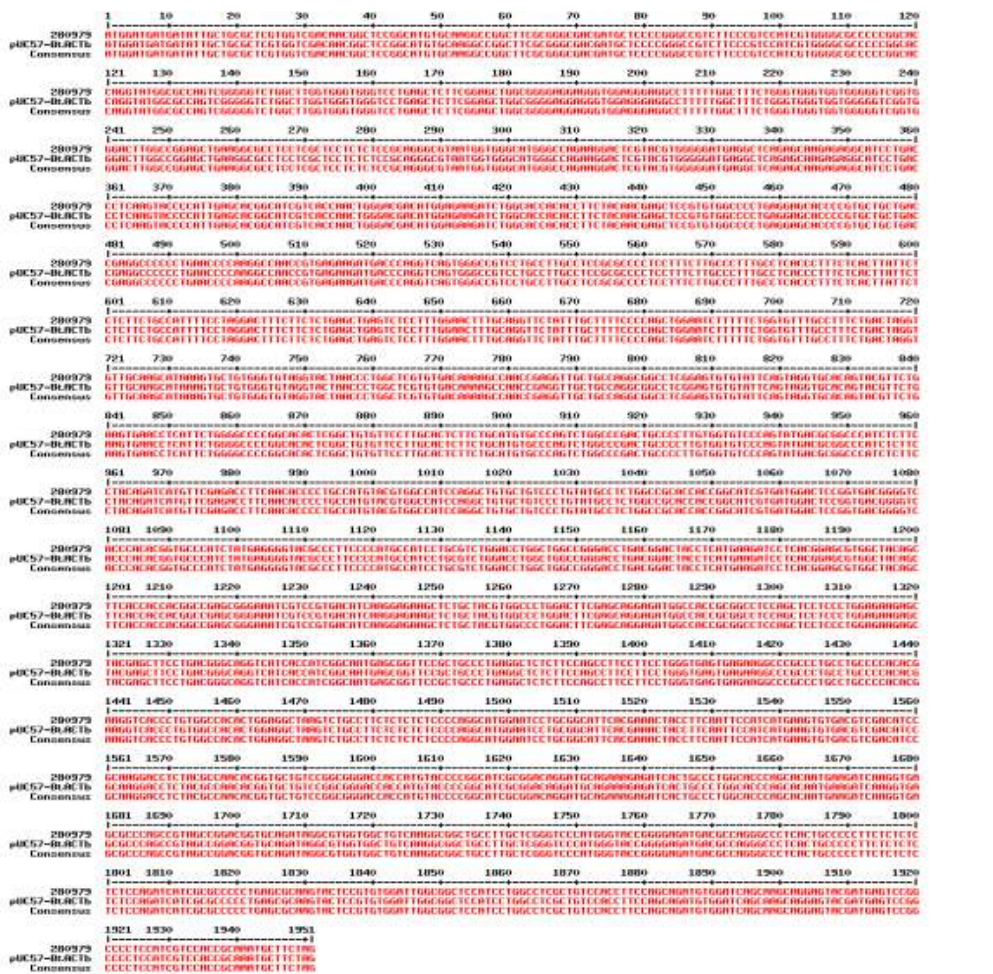
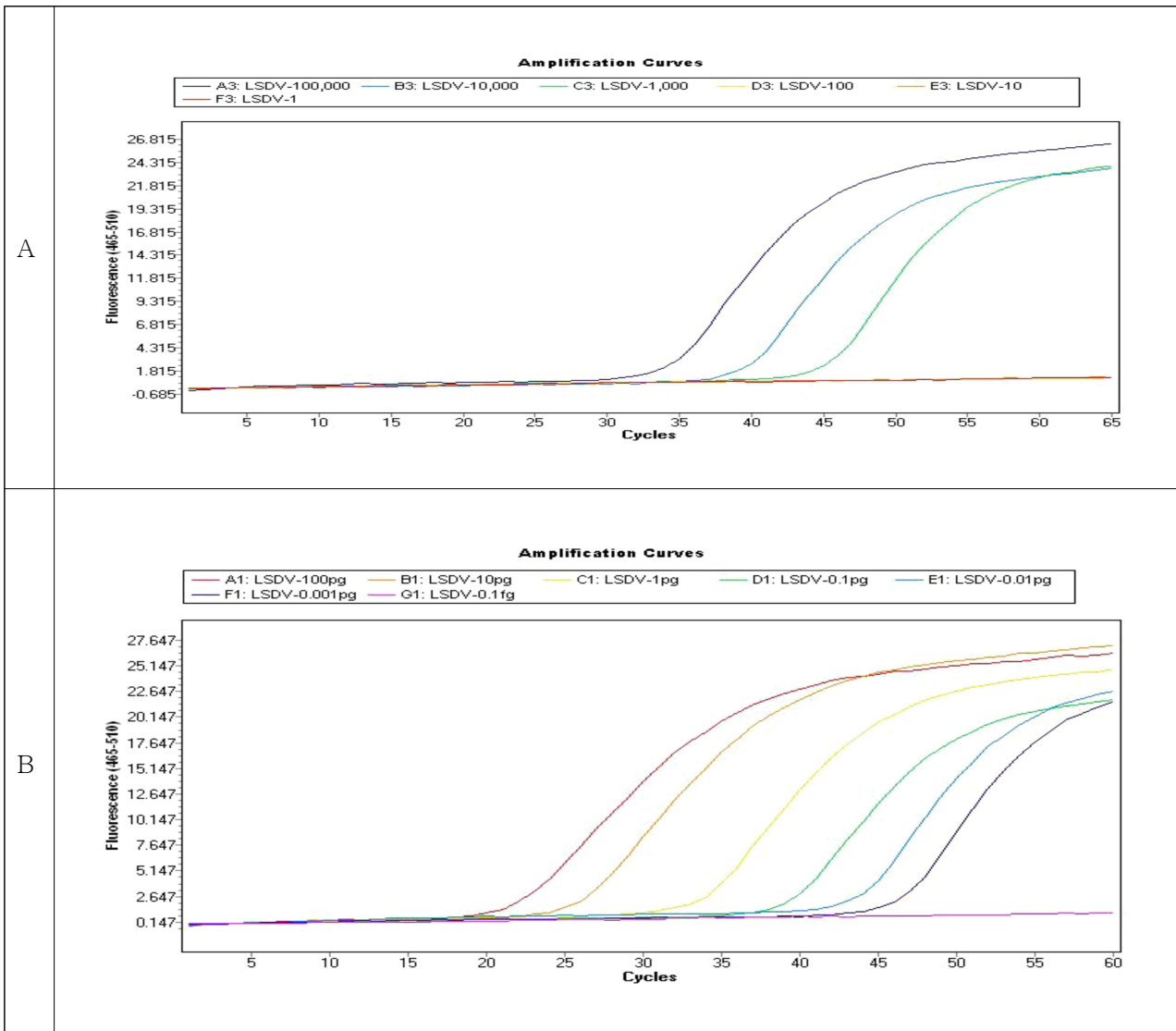


그림 18. Sequence alignments of original gene sequence (1st row) and synthesized DNA (2nd row).

(A) LSDV-GPCR, (B) BtACTb

(2) Analytical sensitivity measurement

- 제작한 프라이머 세트의 DNA 검출 감도 측정을 위해, 정제된 LSDV-GPCR과 BtACTb를 copy number 또는 질량을 기준으로 희석
- Copy number는 100,000 copies부터 1 copy까지 1/10로 희석한 6가지 주형을 사용하였고, 질량 기준은 100 picogram부터 0.1 femtogram까지 1/10로 희석한 7가지 주형을 사용하였음
- Real-time PCR을 통한 감도 측정 결과, LSDV-GPCR 프라이머 세트의 경우, 1×10^3 copies 이상, 1 femtogram 이상에서 형광 증폭 곡선이 확인 (그림 19).
- LSDV-GPCR 크기를 고려해서 계산했을 때, 1 femtogram이 약 8×10^2 copies이므로, 제작한 LSDV-GPCR 프라이머 세트는 8×10^2 copies/reaction의 검출 한계를 갖는 것으로 나타남. 이와 함께, 주형이 없는 조건(No Template Control; NTC), BtACTb DNA와 E. coli DH5 α DNA를 주형으로 사용한 경우에는 형광 증폭 곡선이 나타나지 않는 결과를 통해, 프라이머 세트의 특이성을 확인(그림 19C).



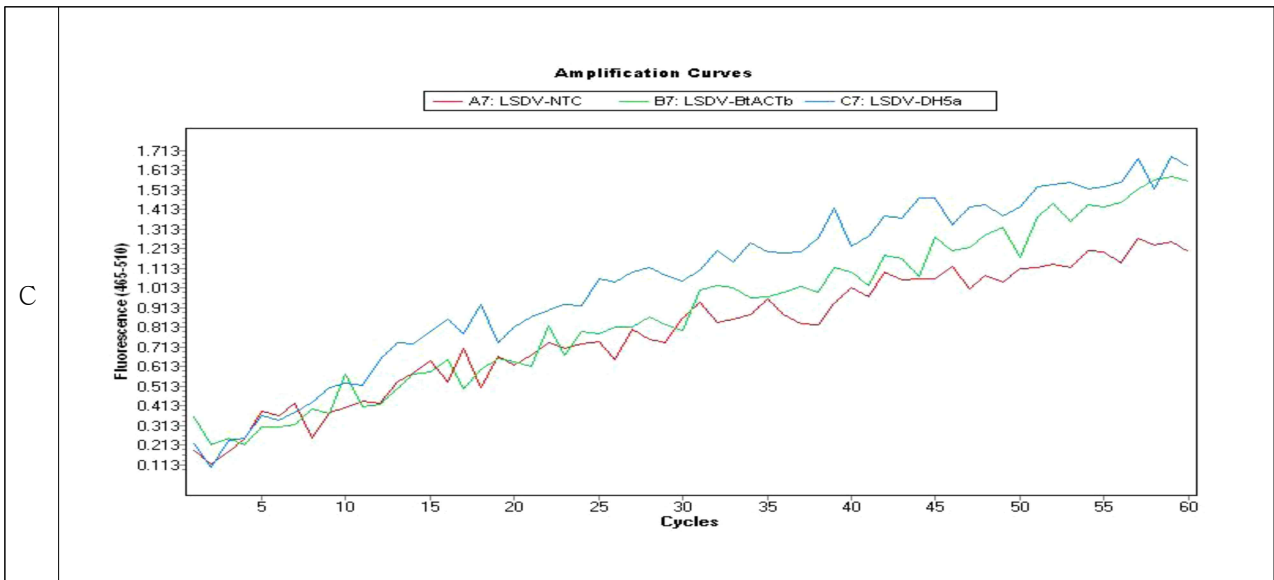


그림 19. Performance of LSDV-PCR primer and probe set. (A) Detection of LSDV-PCR in serially diluted GPCR DNA, based on DNA copy number. (B) Detection of LSDV-PCR in serially diluted GPCR DNA, based on DNA weight. (C) Detection of LSDV-PCR in negative controls.

○ BtACTb 프라이머 세트의 경우, 1×10^2 copies 이상, 1 femtogram 이상에서 형광 증폭 곡선이 확인(그림 18). BtACTb 크기를 고려해서 계산했을 때, 1 femtogram은 약 5×10^2 copies이므로, 제작한 BtACTb 프라이머 세트는 1×10^2 copies/reaction의 검출 한계를 갖는 것으로 나타남.

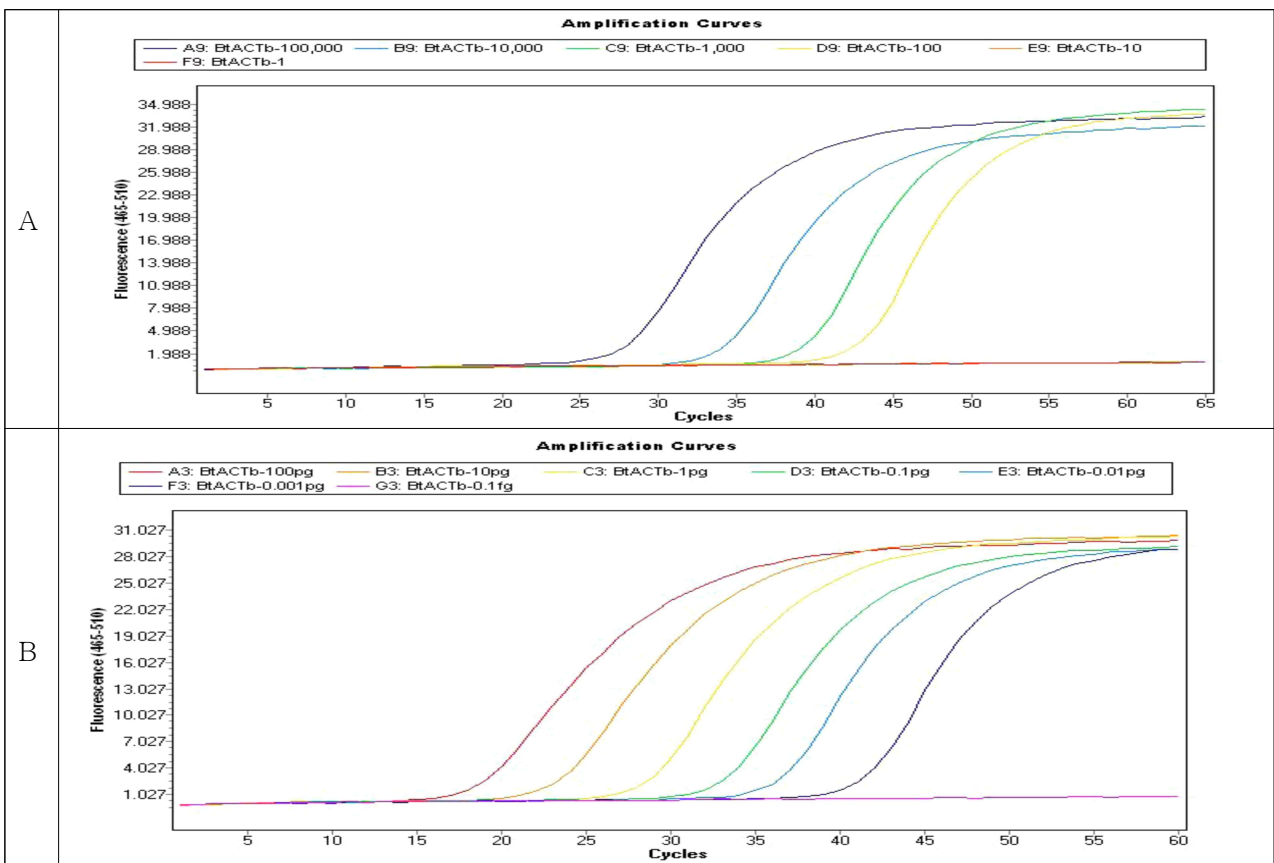


그림 20. Performance of BtACTb primer and probe set. (A) Detection of BtACTb in serially diluted template, based on DNA copy number. (B) Detection of BtACTb in serially diluted template, based on DNA weight.

○ 각 실험 조건에 따른 Cp 값의 평균은 Table 2와 같고, 본 실험의 검출 한계 조건에서 Cp 값이 40.5~46.9 정도(측정한 최대 Cp값)인 점과 사용한 장비의 통상적인 측정 최대 Cp값이 50 내외임을 고려하면, 제작한 프라이머 세트의 검출 민감도는 전술한 수치보다 더 높을 것으로 예상된다.

표 17. Mean Cp values of individual experimental condition

Primer set	Template	Mean Cp value
LSDV-GPCR	LSDV-100,000 copies	34.33
	LSDV-10,000 copies	39.89
	LSDV-1,000 copies	46.37
	LSDV-100 copies	n.d.
	LSDV-10 copies	n.d.
	LSDV-1 copy	n.d.
	LSDV-100pg	22.00
	LSDV-10pg	26.03
	LSDV-1pg	33.94
	LSDV-0.1pg	39.51
	LSDV-0.01pg	43.11
	LSDV-0.001pg	46.91
	LSDV-0.1fg	n.d.
BtACTb	BtACTb-100,000 copies	27.88
	BtACTb-10,000 copies	33.80
	BtACTb-1,000 copies	38.35
	BtACTb-100 copies	44.29
	BtACTb-10 copies	n.d.
	BtACTb-1 copy	n.d.
	BtACTb-100pg	18.64
	BtACTb-10pg	23.29
	BtACTb-1pg	28.67
	BtACTb-0.1pg	33.50
	BtACTb-0.01pg	36.94
	BtACTb-0.001pg	40.52
	BtACTb-0.1fg	n.d.

다) 연구 결과

(1) 소 림피스킨병 바이러스(LSDV) 검출용 Real-time PCR kit 특허 등록

- 발명의 명칭 : 림피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도
- 특허 출원 : 2022. 12. 19(출원번호: 10-2022-0188478)
- 특허 등록 : 2023. 08. 23(등록번호: 제10-2571382)



그림 21. 소 림피스킨병 바이러스관련 특허증

(2) 소 럽피스킨병 바이러스(LSDV) 검출용 Real-time PCR kit 특허 기술이전

○ 본 연구진이 개발한 럽피스킨병 바이러스(LSDV) 검출용 Real-time PCR kit의 특허에 대한 특허권을 (주)엔에이피에게 권리양도함.

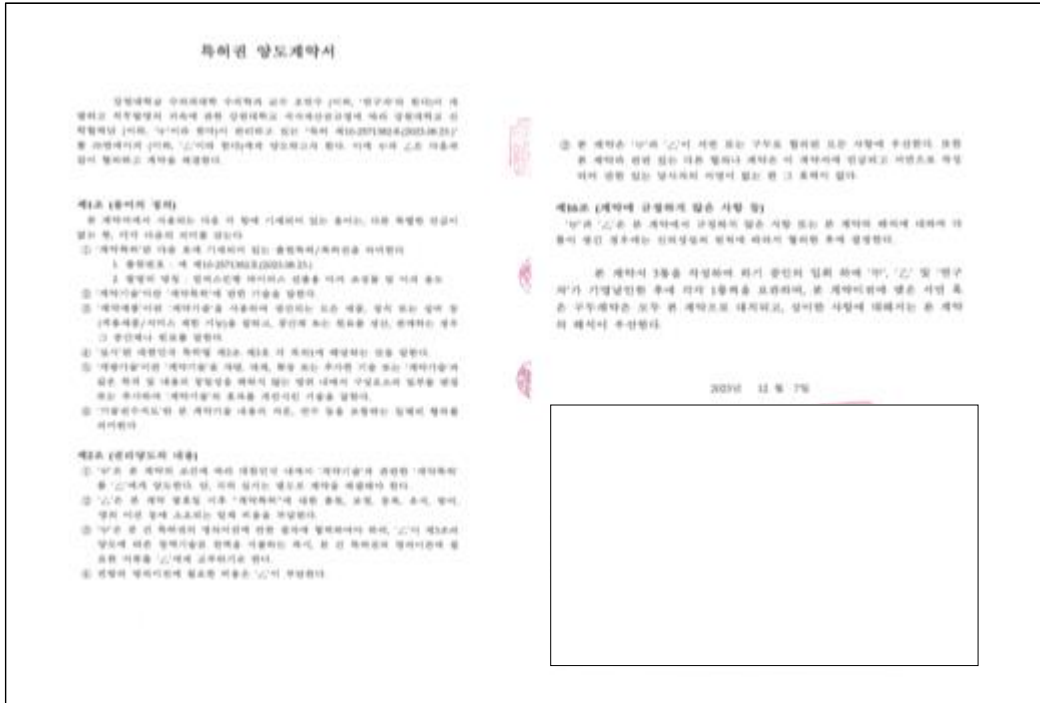


그림 22. 특허 기술이전 계약서

다. 침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발

가) 연구 내용

○ 우리나라에 전파 가능성이 높은 소 럽피스킨병바이러스(Lumpy skin disease virus; LSDV)에 대하여 환경 요인 및 관련 유전자 정보를 수집하여 기계 지능 방법을 통해 공간적 유형을 규명

나) 해외 사례 분석

(1) 모델 방법론 검토

- 통계모델

○ Radojicic et al.(2021)은 웨스트나일바이러스에 대해서 공간자기상관성, 핫스팟분석(hot-spot analysis), 시공간종합 방법(예, Kulldorf's scan statistics) 등(그림 23a)을 동물, 인간 및 매개 곤충에 따른 감염자료와 온도와 물 등의 환경 자료에 대해 적용하여 질병 전파에 시공간적 클러스터(그림 23b)를 찾았음. 아울러 자기상관법에 따라 23,3 km가 클러스터를 형성할 수 있는 의미 있는 거리라고 보고하였고(그림 23c의 왼쪽 위 그림), 핫스팟분석법에 따라 동물, 인간 및 인간과 동물이 결합된 지역을 공간명시적으로 나타내었음(그림 23c 오른쪽 위 그림 및 아래 전체 그림).

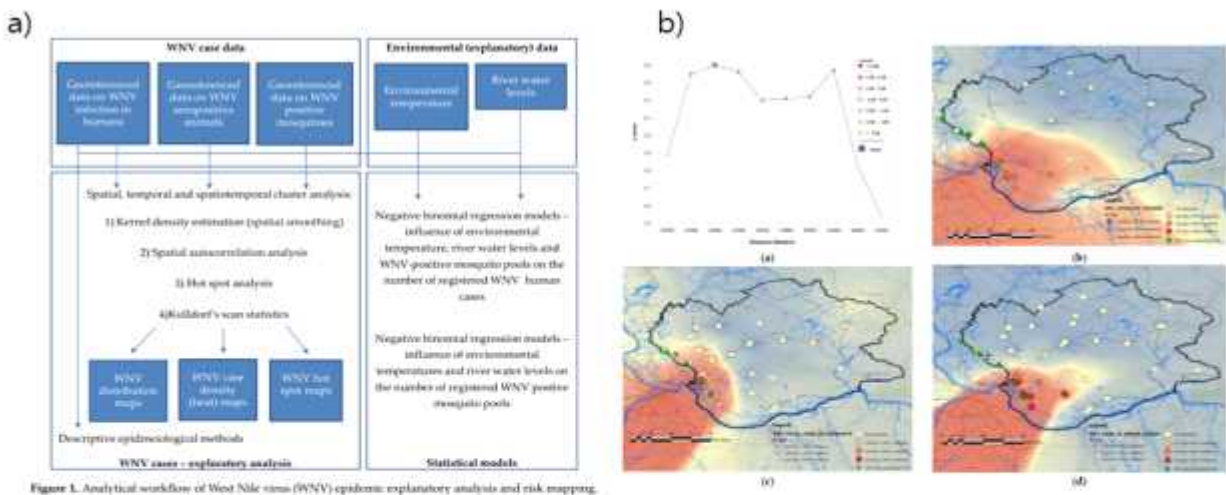


Figure 1. Analytical workflow of West Nile virus (WNV) epidemic: explanatory analysis and risk mapping.

c)

Table 3. SaTScan™ spatio-temporal cluster analysis. The clusters of WNV cases detected by using spatio-temporal cluster statistics.

Cluster	* Total Locations	Radius, km	Start Date	End Date	Population	# WNV Cases	Expected Cases	O/E	RR	LLR	p-Value
1	6	12.70	24 September 2018	15 October 2018	1023	48	0.07	677.35	938.16	272.35	1×10^{-17}
2	3	5.11	5 September 2018	20 December 2018	680	39	2.85	13.70	17.42	70.00	1×10^{-12}
3	6	15.39	17 August 2018	25 September 2018	1207	6	1.12	5.35	5.51	5.26	0.65

O/E—observed expected ratio; RR—relative risk; LLR—log-likelihood ratio; #—Number of West Nile virus cases * For territorial affiliation see Supplementary Material (Supplementary Figure S6).

그림 23. 웨스트나일 바이러스 병에 대한 시-공간 통계 모델 적용 사례(Radojicic et al.(2021))

- 기계지능

○ Safarvi et al.(2022)은 렘피스킨병바이러스에 대해서 질병, 기상, 동물, 토지 피복, 표고 등의 자료에 대해 다양한 기계지능방법을 적용하였음(그림 24a), 스포터 벡터 머신(support vector machine), 결정 나무(decision tree), 랜덤 포리스트(random forest), 인공신경망(artificial neural network) 등으로 입력자료를 학습하였음(그림 24b). 리시버 오퍼레이팅 캐릭터리스틱 (Receiver operating characteristic; ROC)을 통해 검정한 결과 인공신경회로망 성능이 제일 높았다고 하였음(그림 24c)

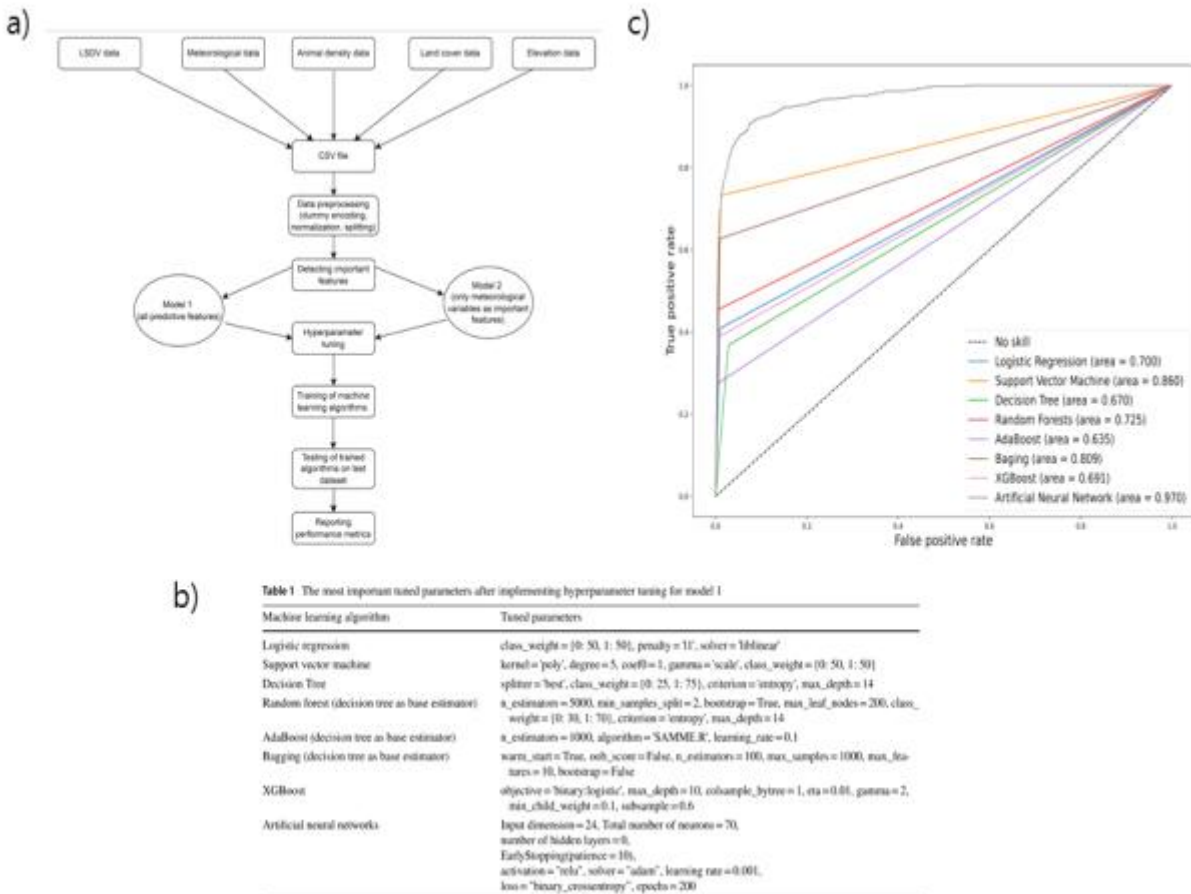


그림 24. 렘피스킨에 대한 기계지능 사례(Safarvi et al.(2022))

- 수리구조모델

○ Raza et al.(2021)은 수리구조모델로 니파바이러스의 비선형, 확률적 전파동태를 나타내었음. 확률적 SIER(S: susceptible, I: infected, E: exposed, R: recovered)로 설정하여(그림 25a), 출산율, 감염률, 질병 및 자연 사망율, 회복률 등의 모수(그림 25b)에 따라 모델을 구성하고(그림 25c), 질병 전파를 예측하였음(그림 25d). 제시된 확률적 구조모델이 역학적 동태의 일탈성을 줄이고 안정적으로 수렴하는 성능이 높았다고 하였음.

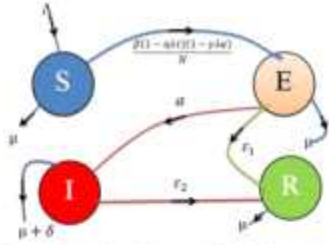


Figure 1. Flow map for the dynamics of the Nipah virus epidemic model.

The nonlinear ordinary differential equations by using the law of mass action are as follows:

$$S'(t) = A - \frac{\beta(1 - n\lambda\gamma)(1 - \gamma\lambda a)}{N} I(t)S(t) - \mu S(t), \quad t \geq 0 \quad (1)$$

$$E'(t) = \frac{\beta(1 - n\lambda\gamma)(1 - \gamma\lambda a)}{N} I(t)S(t) - \alpha E(t) - \epsilon_1 E(t) - \mu E(t), \quad t \geq 0 \quad (2)$$

$$I'(t) = \alpha E(t) - \epsilon_2 I(t) - \delta I(t) - \mu I(t), \quad t \geq 0 \quad (3)$$

$$R'(t) = \epsilon_1 E(t) + \epsilon_2 I(t) - \mu R(t), \quad t \geq 0 \quad (4)$$

with nonnegative (initial) conditions $S(0) \geq 0, E(0) \geq 0, I(0) \geq 0, R(0) \geq 0$, and $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$.

b)

Table 2. Values of Parameters (Fitted data).

Parameters	Values
A	0.5
β	0.7%
α	0.01
ϵ_1	0.15
ϵ_2	0.09
δ	≥ 2.75
γ	≥ 0
λ	0.05
k	0.1
μ	≥ 0
μ	0.5
ν	0.90

2022-12-02

EnPR

3

d)

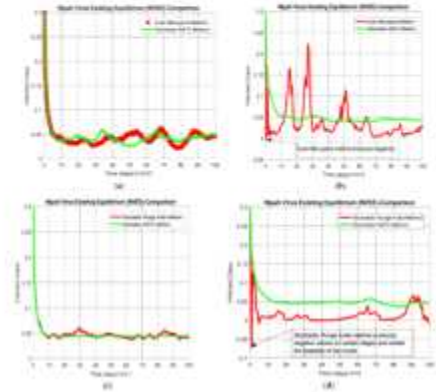


그림 25. 웨스트나일 바이러스 병에 대한 수리구조모델 적용 사례(Raza et al.(2021))

다) 소의 럼피스킨병바이러스(Lumpy skin disease virus; LSDV)의 국제적 전파 양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석

(가) 입력 자료

- LSV 발병장소

- 2006년 이후 2023년까지 세계에서 LSDV가 보고된 자료를 입수하였음. 일차적으로 논문 (Saltykov et al. 2021)을 참조하여 수집하고, NCBI(National Center of Biotechnology Information) 등에서 추가로 수집하였음. 보고된 지점에서 G-protein-coupled chemokine receptor (GPCR)와 관련한 유전 정보를 수집하고 모델 입력을 위해 전처리하였음.

- 환경 및 유전 정보

- 유전자 정보를 가진 지점[그림 26]에 대하여 환경 정보를 입수하였음. 아프리카, 유럽, 러시아에 상당수 분포 되었고 일부 인도와 중국에서도 보고되었음. 유전자 정보를 가진 지점에 대해서 환경요인과 연계 지어 공간적으로 유형화하였음. 샘플 및 환경정보는 아래와 같음.

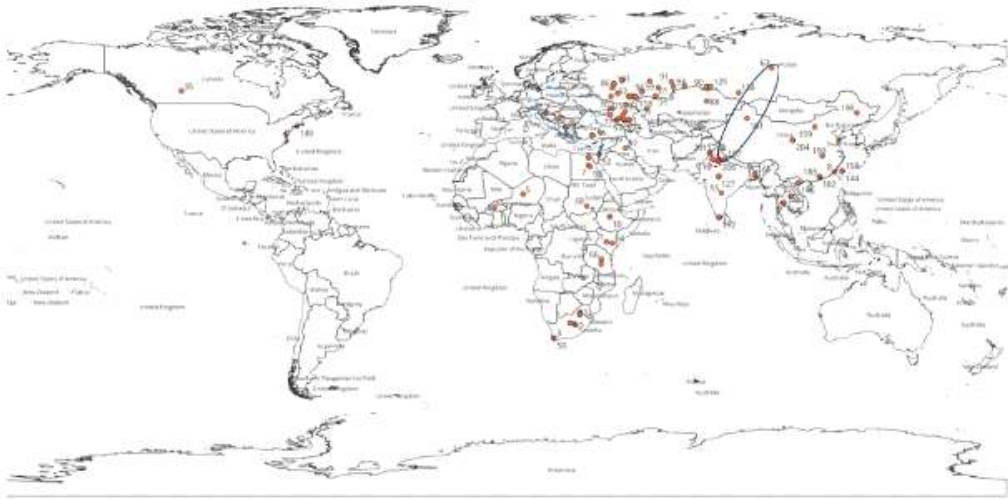


그림 26. 유전정보가 있는 LSDV 보고지점 (1,269) 및 GPCR 보고 지점(207)

- 샘플(Sample Unit)

- 207 지점(Saltykov et al., 2021 및 NCBI 검색)
- 기후: (Environmental variables) [worldclim (<https://www.worldclim.org/>)
- 평균온도 및 강수량(1970년 - 2000년)
(3, 4, 5(월); Spring), (6, 7, 8(월); Summer), (9, 10, 11(월); Autumn), (12, 1, 2(월); Winter)
- 토지피복 (10m X 10m 단위): World cover(<https://esa-worldcover.org/en>)
(Tree cover, Shrubland, Grassland, Cropland, Built-up, Bare/Sparse vegetation, Snow and ice, Permanent water bodies, Herbaceous wetland, Mangroves, Moss and lichen)
- GPCR의 핵산과 아미노산을 수집하고 모델 입력을 위해 전처리하였음.
- 핵산 자료 전처리

모델 입력을 위해 핵산 질소염기(Nitrogenous base; NB) 정보에 대해 전처리하였음. NCBI에서 보고된 207지점 중 100여 장소에서 약 15만 개 전체 배열이 보고되었고, 나머지는 부분적으로 최소 753개 배열이 보고되었음. 아래와 같은 방법으로 배열(alignment)하였음.

수집된 NB 순서를 아래와 같이 배열하였음.

1. 207개의 NB에서 가장 짧은 위치가 보고된 NB 샘플 MH753586를 택하고, 나머지 206개 지점의 NB를 이 샘플과 1:1로 배열(Geneious alignment, NCBI)한다. 1:1로 매칭 할 때 결구가 많은 유전자는 역상보적(Reverse Complement)으로 다시 배열하였다(약 70%).
2. 1:1로 배열하여 출력한 207개의 코딩순서(coding sequence(CDS))를 모아 다시 배열한다. 그림 27은 GPCR NB 배열 정보 사례이다.
3. 배열된 NB에서 앞부분에 NB가 제시되지 않은 순서(410개)를 잘라낸다.

4. 전 샘플에서 같은 NB 순서를 가진 위치를 제거하고, 하나라도 다른 NB가 있으면 남겨둔다. 753개의 NB 위치 중에서 133위치가 다른 구성을 보였다. 표 18과 그림 28은 샘플 중에서 한 위치에서라도 다른 NB를 가진 133위치에서의 NB 구성을 보인다.

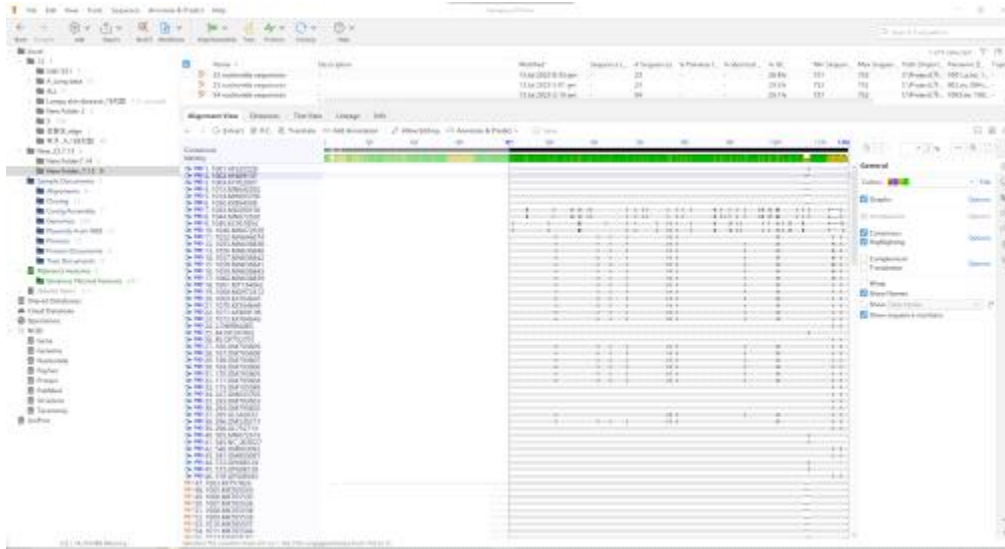


그림 27. National Center for Biotechnology Information(NCBI)의 GPCR NB 배열 정보(사례)

표 18. Geo-SOM 입력을 위한 NB 구성

	8	37	41	42	81	90	100	105	125	133	142	154	158	159	176	182	183	218	225	261	262	281	300	306	330	353	354	359	380	372	381	384	394						
A	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1					
C	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1				
D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1				
E	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1			
F	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1			
G	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1			
H	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
I	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
K	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
L	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
M	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
N	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
P	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Q	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
R	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
S	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
T	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
W	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Y	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
?	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133	133

No. of NB positions with same compositions	No. of cases	Total no NB positions
9	1	9
6	1	6
5	1	5
4	2	8
3	7	21
2	16	32
1	52	52
		Total 133

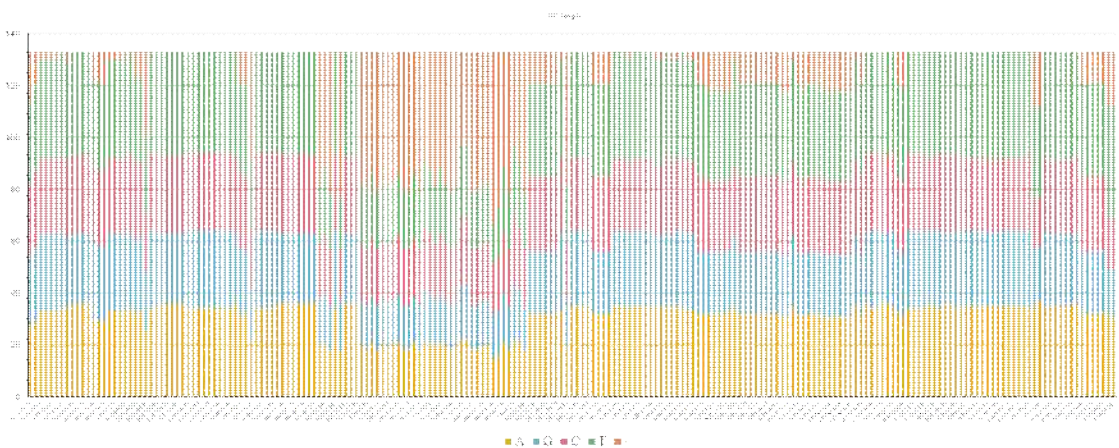


그림 28. 출현 샘플 중에서 한 위치에서라도 다른 NB를 가진 133위치에서의 NB 구성

○ Geo-SOM(후술)에 입력하기 위해서는 정성적인 각 NB(A, T, G, C) 간 정량적인 차이를 없앨 필요가 있음. 각 NB에 대해서 4개의 입력위치를 별개로 부여하여 2진법으로 입력하였음. 예를 들어 A는 “1,0,0,0”, T는 “0,1,0,0”. 이를 통해 각 NB의 차이가 동등한 거리(Hamming distance)를 가지도록 하였음. 표 19는 Geo-SOM 입력을 위한 NB 자료 사례임. 제 1열에 각 샘플 정보가 있고 다음 두 열에 경, 위도의 공간 좌표가 있음. 이어서 NB에 대한 입력자료가 있음. 서식지와외의 공간 연계성을 조사할 때 공간 좌표 다음 열에 환경정보(예, 온도, 강수량), 서식지 정보를 추가하였음(후술할 ‘아미노산 분석’ 항 참조).

표 19. Geo-SOM 입력을 위한 NB 자료

GenBank	X	Y	Temp	Prec	Var1	Var2	Var3	Var4	Var5	Var6	Var7	Var8	Var9	Var10	Var11	Var12	Var13	Var14
MK765532	39.1918754	51.63864742	7.6	560	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765533	39.07384155	45.04981825	13.1	384	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
KP663694	38.76814981	8.983835501	20.1	690	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
FJ869377	31.18631346	27.17873681	27.7	396	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
KK757824	22.97099327	40.63938049	5.6	533	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK302091	30.64444423	12.72436707	5.9	506	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK302084	35.68610775	-7.766966934	6.1	570	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
KJ462779	35.4901047	38.72070597	6.7	446	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765536	44.90449916	43.30951896	10.8	591	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765538	43.60560213	43.47757148	2.1	388	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765544	73.29047957	49.95405117	12.6	747	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765541	39.74659357	47.19960697	3.6	293	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765542	39.71172644	54.61381898	9	665	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765548	50.21312346	53.27336352	10.8	620	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MK765550	50.08067221	53.1382665	16.3	490	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
MK765549	61.4242074	55.16583137	16.6	1001	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
MH029290	46.06750687	51.60954439	24.3	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
MK765545	73.35252759	55.0116382	3.3	433	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0

아미노산 정보

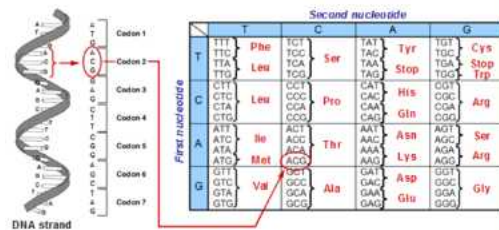
상기 NB 배열과 유사한 방식으로 아래와 같이 아미노산을 배열하였다.

- *. 207개의 샘플에서 가장 짧은 위치를 가진 샘플 MH753586를 택하고 NCBI에 제시된 아미노산 위치를 수집한다. 그림 29는 핵산으로부터 아미노산으로 전환한 규칙과 각 아미노산의 약자를 보여준다.
- 十. 나머지 206개 지점에서 아미노산 위치를 수집하고 상기 MH753586과 1:1로 배열(Geneious alignment, NCBI)한다. 1:1로 매칭 할 때 결구가 많은 유전자는 역상보적(Reverse Complement)으로 다시 배열하였다(약 70%).
- 卍. 1:1로 배열하여 출력한 207개의 코딩순서(coding sequence; CDS)를 다시 배열하였다. 그림 30는 LSDV GPCR의 아미노산 1 - 384위치에서 배열한 사례이다.
- §. 배열된 아미노산의 384위치로부터 앞 부분(19위치), 뒷 부분 134(위치)에서 일부 아미노산이 나타나지 않은 샘플 위치를 자른다. 최종적으로 36개의 위치가 남았다. 표 20은 아미노산 구성이 다른 샘플에서의 각 아미노산 출현 빈도를 나타낸다.
- **.. Geo-SOM 입력을 위해 각 샘플의 36개 위치에서 아미노산을 21개의 2진법으로 변환하였다(36×21=756). 예로써 “Ala(Alanine) -> 1,0”, “Arg(Arginine) -> 0.1,0” 와 같이 한다. 그림 31은 Geo-SOM 입력을 위한 아미노산 변환을 나타낸다.

十十. 207지점의 위치(위, 경도), 환경요인(17개)과 756 위치의 아미노산 순서를 GeoSOM 분석 입력자료로 한다.

○ 그림 32은 LSDV의 GPCR의 아미노산 샘플을 채취한 목록임. 표 20은 아미노산 구성이 다른 샘플에서의 아미노산 출현 빈도를 나타냄. 예를 들어 28번 위치에서는 206샘플에서 Isoleucine이 나타났고, Phenylalanine은 한 샘플에서 나타났음(전체 207 샘플). 그림 33은 207 샘플의 아미노산 유사성에 대한 동일 매트릭스(Identity matrix)(Distances, NCBI)임. 전반적으로 크게 상하 두 그룹으로 나누어졌음(왼쪽 위와 오른쪽 아래의 초록색 사각형 패턴). 상위 그룹에서 최초 무리는 49번까지인데 남아프리카 등의 아프리카와 터키 등이 속했음. 상위 그룹의 나머지는 러시아와 이집트(98번 - 108번)가 속했음. Identity matrix 하반부에는 주로 아시아와 연관되었는데 인도, 베트남, 타일랜드 등이 속했음. 중국은 일부 상위 그룹(8)에 속했으나 대부분 하위 그룹(159, 161, 182-184, 199, 204)에 속했음.

아미노산 : DNA 코드와 관계



아미노산	세자 약어	분자량	한자 약어
알라닌(Alanine)	Ala	Ala: 89.000	A
아르기닌(Arginine)	Arg	Arg: 174.000	R
아스파라긴(Asparagine)	Asn	Asn: 132.000	N
아스파르트산(Aspartic acid)	Asp	Asp: 133.000	D
시스테인(Cysteine)	Cys	Cys: 121.000	C
글루탐산(Glutamic acid)	Glu	Glu: 147.000	E
글루타민(Glutamine)	Gln	Gln: 146.000	Q
글리신(Glycine)	Gly	Gly: 75.000	G
히스티딘(Histidine)	His	His: 155.000	H
이소류신(Isoleucine)	Ile	Ile: 131.000	I
류신(Leucine)	Leu	Leu: 131.000	L
리신(Lysine)	Lys	Lys: 146.000	K
메티오닌(Methionine)	Met	Met: 149.000	M
페닐알라닌(Phenylalanine)	Phe	Phe: 165.000	F
프롤린(Proline)	Pro	Pro: 115.000	P
세린(Serine)	Ser	Ser: 105.000	S
트레오닌(Threonine)	Thr	Thr: 119.000	T
트립토판(Tryptophan)	Trp	Trp: 204.000	W
티로신(Tyrosine)	Tyr	Tyr: 181.000	Y
발린(Valine)	Val	Val: 117.000	V

그림 29. 핵산으로부터 아미노산의 전환



그림 30. LSDV GPCR의 아미노산 배열 사례

표 20. 아미노산 구성이 다른 샘플에서의 각 아미노산 출현 빈도

	28	29	30	31	32	34	39	49	53	58	59	60	63	66	76	80	88	92	95	99	117	120	127	149	154	179	191	193	198	199	204	218	231	238	239	249
영어 이름	Ala	Arg	Cys	Asp	Glu	Gln	Gly	His	Ile	Leu	Lys	Met	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val																		

표 5.1 표준 아미노산의 이름과 약어

아미노산	새저 약어	분자량	한자 약어
알라닌(Alanine)	Ala	89.000	A
아르기닌(Arginine)	Arg	174.000	R
아스파라긴(Asparagine)	Asn	132.000	N
아스파르트산(Aspartic acid)	Asp	133.000	D
시스테인(Cysteine)	Cys	121.000	C
글루탐산(Glutamic acid)	Glu	147.000	E
글루타민(Glutamine)	Gln	146.000	Q
글리신(Glycine)	Gly	75.000	G
히스티딘(Histidine)	His	155.000	H
이소류신(Isovaline)	Ile	121.000	I
루신(Leucine)	Leu	131.000	L
리신(Lysine)	Lys	146.000	K
메티오닌(Methionine)	Met	149.000	M
페닐알라닌(Phenylalanine)	Phe	165.000	F
프로린(Proline)	Pro	115.000	P
세린(Serine)	Ser	105.000	S
트레오닌(Threonine)	Thr	119.000	T
ทริป토판(Tryptophan)	Trp	204.000	W
티로신(Tyrosine)	Tyr	181.000	Y
발린(Valine)	Val	117.000	V

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-
A	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

그림 31. Geo-SOM 입력을 위한 아미노산 변환

1

51

101

151

207

>MNT7153	>MNT7154	>MNT7155	>MNT7156	>MNT7157	>MNT7158	>MNT7159	>MNT7160	>MNT7161	>MNT7162	>MNT7163	>MNT7164	>MNT7165	>MNT7166	>MNT7167	>MNT7168	>MNT7169	>MNT7170	>MNT7171	>MNT7172	>MNT7173	>MNT7174	>MNT7175	>MNT7176	>MNT7177	>MNT7178	>MNT7179	>MNT7180	>MNT7181	>MNT7182	>MNT7183	>MNT7184	>MNT7185
----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------

(GeoBank list for the positions)

그림 32. 아미노산 샘플 목록(207)

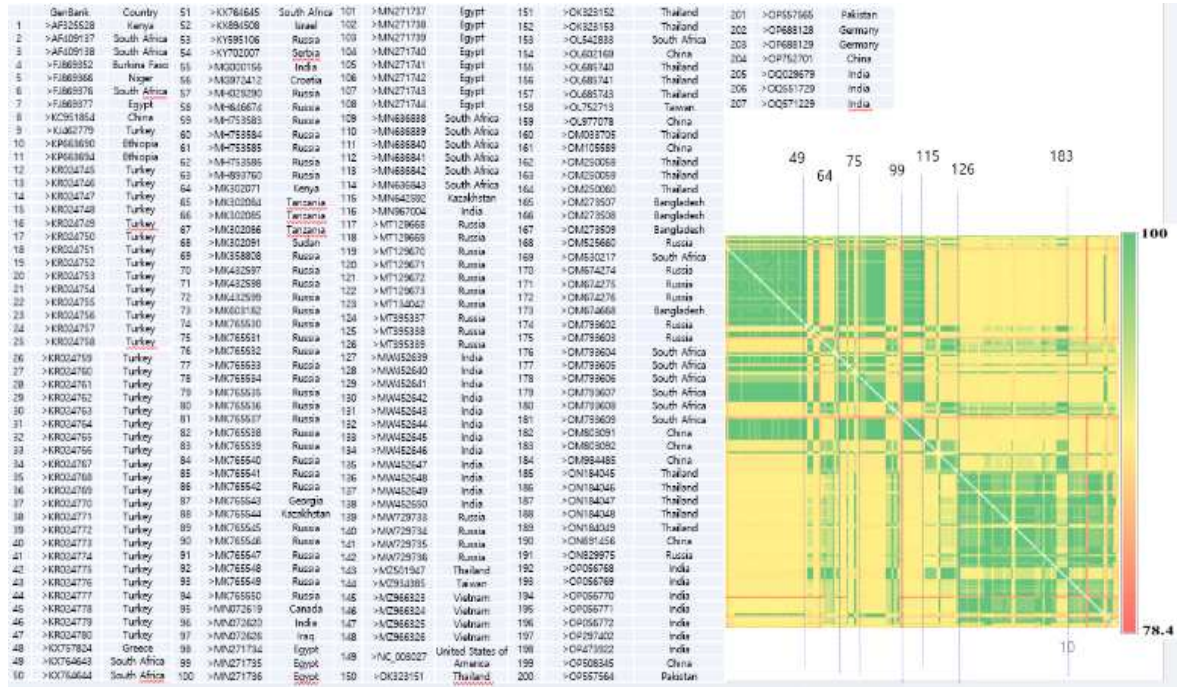


그림 33. LSDV GPCR의 아미노산의 샘플에 따른 퍼센트 동일 매트릭스

○ 표 21은 위치, 보고시기, 환경 및 아미노산 구성이 포함된 Geo-SOM 입력 자료 사례임. 제 1열에 각 샘플 정보가 있고 다른 두 열에 위, 경도이며, 다음 열에 환경정보(예, 온도, 강수량)가 있고, 이어서 NB에 대한 입력자료가 있음. 환경에는 계절별 평균 온도, 평균 강수량, 서식지 등에 대한 정보가 포함되었음.

표 21. 위치, 환경 및 아미노산 구성이 포함된 Geo-SOM 입력 자료

No	ID	X	Y	TempSp	TempSu	TempAu	TempWi	PrecSp	PrecSu	PrecAu	PrecWi	Year	10	20	30	40	50	60	80	90	1A	1C	1D	
1	1	AF325528	37.843106...	0.951864849	0.6542904...	0.324048647	0.708912094	0.809957924	1.0000000...	0.060281482	0.815809146	0.417772734	0.058823529	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	2	AF409137	28.273340...	-24.8683193...	0.6438393...	0.179678305	0.775733981	0.888148668	0.173307187	0.010480256	0.1716835536	0.527951843	0.661764706	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	3	AF409138	18.916246...	-34.3850331...	0.6229622...	0.17145879	0.849478726	0.856241234	0.253010653	0.291691776	0.166834596	0.110179139	0.691176471	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
4	4	AF688352	-2.2174683...	-12.2166185...	0.98019602	0.719407342	0.856043956	0.8414446	0.140625023	0.426825949	0.182013196	0.003305867	0.808823529	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
5	5	AF689366	7.8851963...	16.8730443...	1.0000000...	0.843507258	1.0000000...	0.863429173	0.039028836	0.085597506	0.011933365	0	0.808823529	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
6	6	AF689376	-24.704829...	-28.7347838...	0.6279627...	0.107889545	0.741889127	0.914621318	0.17897473	0.018595008	0.100797305	0.33714996	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
7	7	AF689377	31.180313...	-27.1787868...	0.7725322...	0.819929384	0.848182833	0.734823861	0	0	0	0.001628263	0.514705682	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
8	8	KC951854	118.60251...	-24.8790724...	0.6526402...	0.75127901	0.838827839	0.718999144	0.9638824	0.400984076	0.16488944	0.212167563	0.852941176	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
9	9	K462779	35.490104...	38.7207058...	0.4062156...	0.460257274	0.50295858	0.476157083	0.205948779	0.045405717	0.086683785	0.176000395	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
10	10	KF663690	38.770496...	8.88831708...	0.6441144...	0.318163986	0.645815723	0.776472651	0.295436144	0.402572117	0.184190854	0.097054325	0.838235294	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
11	11	KF663694	38.768169...	8.8833555...	0.6441144...	0.318163986	0.645815723	0.776472651	0.295436144	0.402572117	0.184190854	0.097054325	0.852941176	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
12	12	KR24745	32.526277...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
13	13	KR24746	32.526428...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
14	14	KR24747	32.526608...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
15	15	KR24748	32.526530...	37.7990347...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
16	16	KR24748	32.526488...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
17	17	KR24750	32.526481...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
18	18	KR24751	32.526444...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
19	19	KR24752	32.526516...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
20	20	KR24753	32.526588...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
21	21	KR24754	32.526382...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
22	22	KR24755	32.526495...	37.7899660...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
23	23	KR24756	32.526405...	37.7990347...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
24	24	KR24757	32.526532...	37.7990347...	0.4238173...	0.478226756	0.532544379	0.514551192	0.211658825	0.02968533	0.108330354	0.324024276	0.882352941	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

(나) 분석

- Geo-SOM

- 생태, 환경, 유전 정보에 추가하여 지리정보(위, 경도)를 같이 입력하여 Geo-SOM으로 학습하였음. 그림 32는 환경, 유전 및 위치 정보의 입력을 통한 지리자가조직화지도(Geo-self-organizing map; Geo-SOM)의 공간 유형 분석을 보임. 1 단계로 조사 샘플의 공간적인 위치에 대해 학습하고 공간적으로 묶인 지점에 대해서 생태, 유전 정보를 학습함 (Bação et al., 2005; Henriques et al., 2009).

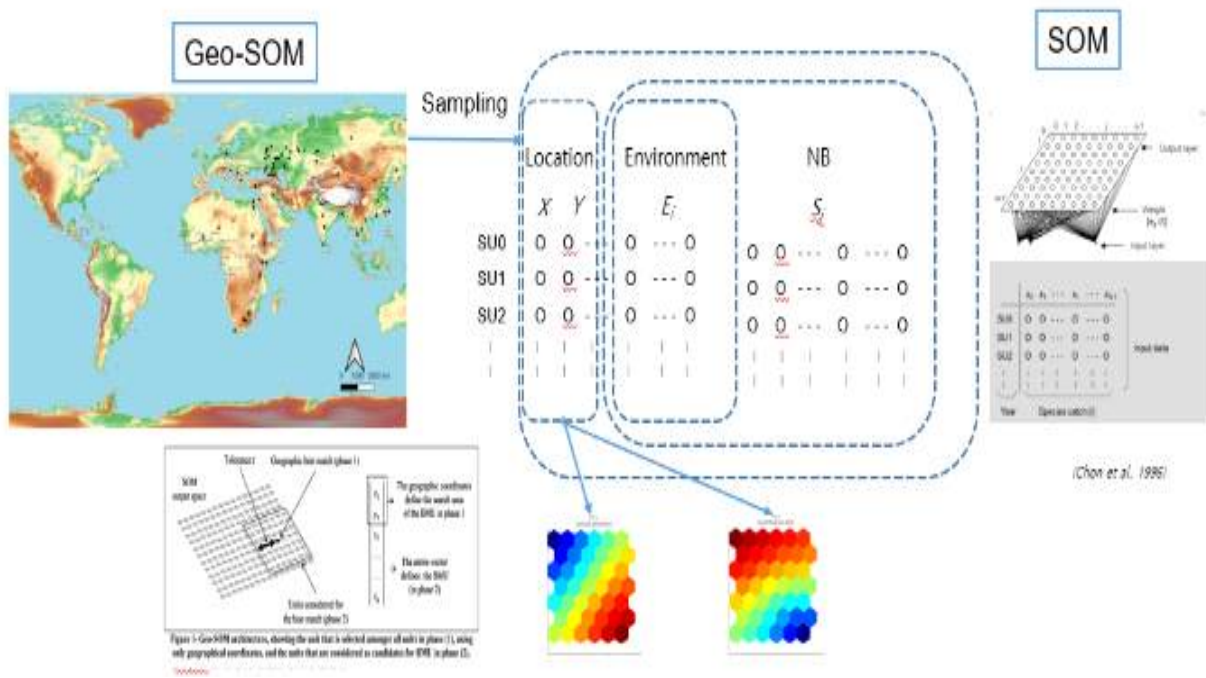


그림 34. 환경, 유전 및 위치 정보의 입력을 통한 지리자가조직화지도(Geo-self-organizing map; Geo-SOM)의 공간 유형 분석

- 환경 요인에 대한 공간 유형

- LSDV가 보고된 지점의 환경요인에 대한 공간적 유형성을 Geo-SOM 학습을 통해 제시하였음. 이 경우 환경요인과 공간적인 좌표 만으로 학습하였고 유전 정보는 추가하지 않았음. 그림 35는 Geo-SOM 학습 결과이고, 그림 36는 클러스터링 된 지리적 분포를 나타냄. 그림 35a의 오디네이션맵에서 자주빛 육각형이 학습 후 유사한 샘플 그룹을 나타냄. 아주 큰 네 개의 무리가 오른쪽 및 아래쪽에 보였고, 작은 크기의 무리가 흩어져 나타남. 왼쪽 아래의 노드는 클러스터 7에 속하는데[그림 35a,b의 점선원], 이는 오른쪽의 컴포넌트 맵의 환경 프로파일과 비교할 때 서, 남쪽(X, Y)에 대응되었음. 클러스터 7은 넓은 지역을 포함하는데, 컴퍼넌트맵에서 제시되듯이 남서쪽인 아프리카와 주로 대응되었음[그림 36]. 연계된 환경은 관목지와 경작이었고, 컴포넌트맵의 시기(Year)와 비교할 때 초기에 주로 보고되었음[그림 35c].

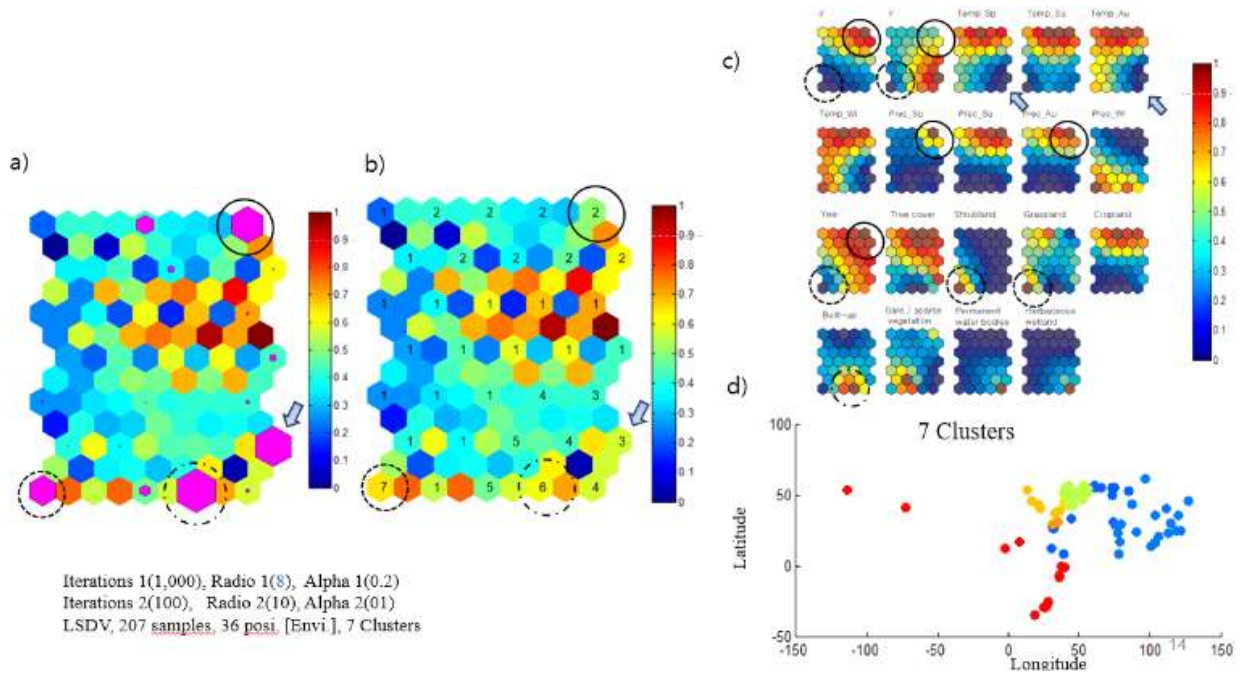
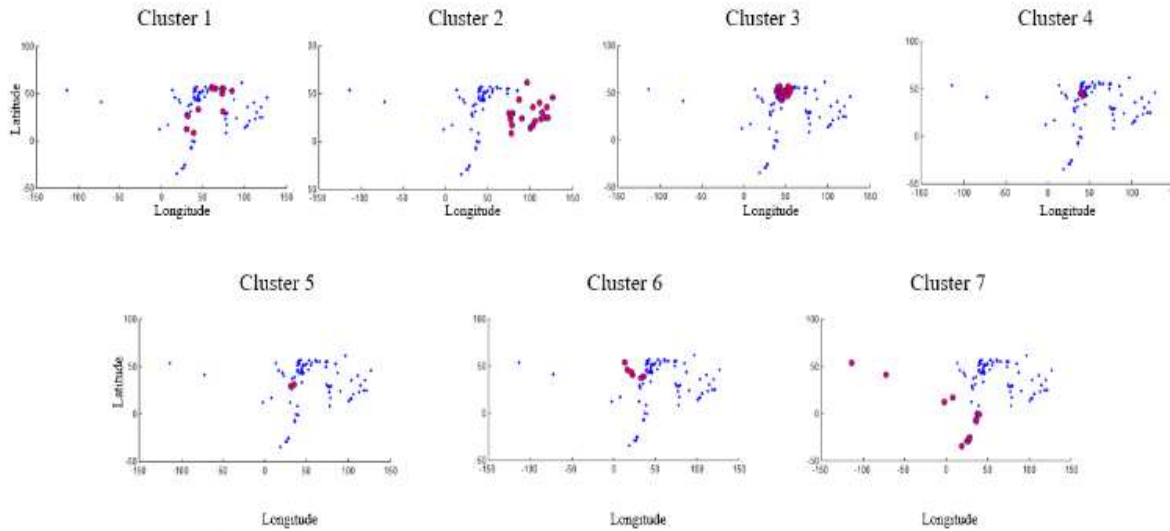


그림 35. LSDV 유전정보를 가진 207지점의 환경요인에 대한 공간적 유형성



Iterations 1(1,000), Radio 1(8), Alpha 1(0.2); Iterations 2(100), Radio 2(10), Alpha 2(01); LSDV, 207 samples, 36 posi. [Envi.], 7 Clusters

그림 36. LSDV의 핵산정보가 보고된 207지점의 환경에 대한 지리적 분포

○ 컴포넌트맵 오른쪽 위의 그룹은 클러스트 2에 속했으며, 동쪽의 아시아와 연계되었고[그림 35a,b의 실선 원, 그림 36], 봄, 가을 등의 높은 강우량과 연관이 있었으며[그림 35c의 실선 원], 부분적으로 경작지와 관련성이 있었음. 컴포넌트맵 아래의 오른쪽 클러스트 6번도 큰 그룹으로 묶였는데 위치는 다소 서쪽과 남쪽에 가까워 유럽(발칸 반도)에 연계되었음[그림 35의 대쉬형 타원, 그림 35a-c의 대쉬형 타원, 그림 36]. 서식지로는 시가지와 연결되었음. 컴포넌트맵 오른쪽 아래의 그룹[그림 35a-b의 화살표]은 러시아 서부와 연계되었는데[그림 35d, 그림 36], 봄, 가을의 낮은 온도와 연관이 있었음[그림 35c의 화살표].

- 핵산의 공간 분포 유형

○ 환경요인에 핵산을 추가하여 공간적 유형성을 Geo-SOM을 통해 규명하였음. 그림 37은 LSDV의 GPCR 유전정보를 가진 207지점과 환경요인의 공간적 유형성을 보임. 그림 38은 Geo-SOM에 따른 클러스트의 지리적 분포를 보임. 앞에서 언급한 대로 그림 37a의 왼쪽 오디네이션맵은 자주빛 육각형이 묶여진 샘플 그룹을 나타냄. 세 개의 큰 무리가 왼쪽에 보였고, 오른쪽 아래와 위에서 약간 작은 두 개의 무리가 보였음. 왼쪽 아래의 묶음은 클러스터 2에 속하였고[그림 37b, 점선 원], 프로파일이 제시된 컴포넌트 맵 왼쪽 아래와 일치하였음 [그림 37c, 점선 원]. 그림 37c의 위도(Y)에 대응하면 북쪽이었고, 그림 37d에서 시각화되듯 러시아 전역과 캐나다를 포함한 넓은 지역이었음[그림 37]. 클러스터 2는 넓은 지역을 포함하였는데, 러시아 전역과 북미 캐나다 등이 속했음. 넓은 범위를 포함하므로 클러스터 2내의 각 노드는 분리해서 환경 요인들과 연계됨. 클러스터 2에서 오디네이션맵의 왼쪽 아래에 있는 노드와 연계되는 환경 요인으로는 봄, 가을 겨울의 낮은 온도이었고, 서식지로는 영구적 수역(Permanent water bodies)과 초본 습지(Herbaceous wetland)였음(그림 37c, 점선 원).

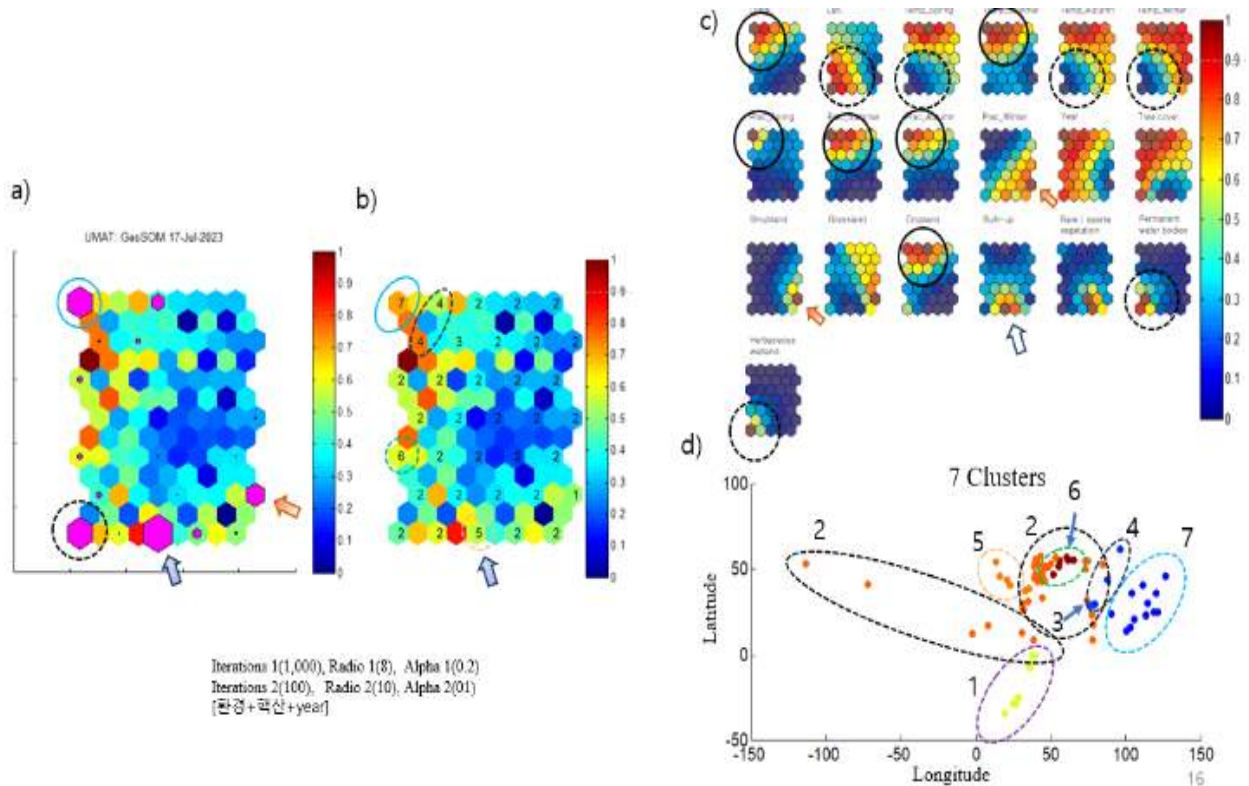


그림 37. LSDV 핵산정보가 보고된 207 지점의 환경요인과 핵산의 공간적 유형성에 대한 Geo-SOM

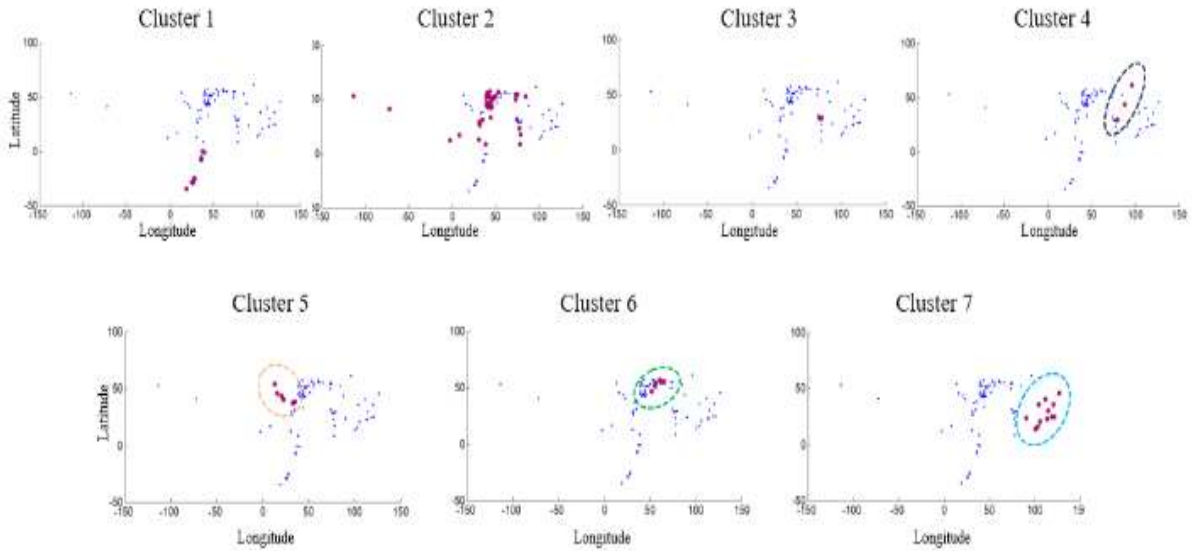


그림 38. Geo-SOM에 따른 207지점의 핵산과 환경요인의 공간적 유형성에 따른 지리적 분포

- 또 하나의 큰 무리는 오디네이션맵 왼쪽 위에 있는 무리이고[그림 37a, 실선 원], 클러스트 7번에 속하였음[그림 37b의 실선 타원]. 클러스터 7번은 좁은 범위에서 다른 클러스트와 명료하게 구분되었음. 이 노드는 동부와 연계되며 아시아 지점에 해당되며[그림 37d, 그림 38], 여름의 고온, 봄, 여름, 가을의 높은 강우 및 경작지와 일치하였음[그림 37c, 실선 원]. 오디네이션맵 오른쪽 아래에서 클러스트 7번에 속하는 노드의 약간 오른쪽에 큰 노드가 있었는데, 이는 5번 클러스트에 속하였고(그림 37a,b의 청색 화살표), 컴포넌트맵에서 불매 시가지(‘Built-up’)에 대응되었음(그림 37c의 청색화살표). 지리적 위치는 독일과 구소련 영역(크로아티아, 세르비아)과 그리스와 연관되었음 [그림 38]. 기후 및 서식지와는 뚜렷하게 연계되지 않았음. 오디네이션맵(그림 37a의 주황색 화살표)의 오른쪽 아래에 있는 또 하나의 무리는 클러스트 1번에 속했는데, 위치는 아프리카에 해당되었음[그림 37d, 그림 38]. 컴포넌트맵에서 관목지 및 겨울의 높은 강수량과 부분적으로 일치하였음[그림 37c, 주황색 화살표].
- 핵산과 환경요인과의 공간적 연계성을 요약하면 북쪽 러시아 지점은 봄, 가을 겨울의 낮은 온도 및 수역 및 습지와 연계되었음. 동쪽 아시아 지점은 여름의 고온, 봄, 여름, 가을의 높은 강우 및 경작지와 일치하였고, 아프리카 지점은 관목지 및 부분적으로 겨울의 높은 강수량과 연계되었음. 별도로 유럽에서 시가지와 연계되는 무리가 분리되었음. 전체적으로 상기 환경 요인만에 따른 클러스터링과 일정 부분 연계되었음. 아시아 지역은 공통적으로 유형화 되었고, 일부 구역은 부분적으로 변이가 있었음.
- 보고시기는 컴포넌트맵에서 Year 단위로 표시되었는데[그림 37c], 관목지에 해당되는 아프리카 지점(클러스트 1)이 상대적으로 초기에 보고되었고, 주로 러시아가 속한(클러스트 2) 지점은 전반적으로 긴 시기에 발현되었고, 아시아가 주로 속한 지점(클러스트 7)은 후반부에 보고되었음. 이는 지역에 따라 LSDV가 실제 보고되는 시기와 전반적으로 일치하였음.

○ 그림 39는 Geo-SOM 클러스트에 따른 207지점의 NB 구성을 보임. A, T가 C, G보다 상대적으로 높게 나타났으나, 지역적인 특성이 부분적으로 보였음. 아프리카 지역에서 보인 클러스트 1에서는 전체적으로 A와, T가 G와 C보다 상대적으로 높게 나타났고, 위치에 따라 해당 아미노산이 없는 경우도 상당 수 있었음(약 8%). 클러스트에 따라서 NB 구성이 다르게 나타나는 경향을 보였음. 주로 아시아가 속한 클러스트 7은 전반적인 NB 구성과 유사하였음. 러시아가 속한 클러스트 2는 전반적으로 NB 출현 경향성이 클러스트 1과 유사하였으나 아미노산이 없는 위치의 빈도가 보다 높았음(약 16%). 클러스트 6인 경우 NB가 없는 위치가 현저히 많았음(30% 이상). 클러스트 6은 러시아의 좁은 지역과 연계되었음. 클러스터 4는 러시아에 인접한 중국의 경계 지역인데 NB가 없는 위치가 현저히 낮았음(약 2%). 클러스트 3번은 인도 북쪽에 위치하였는데, A(약 3%)가 매우 낮았음 [그림 39의 점선 타원]. 본 연구에서 Geo-SOM를 통해 NB의 분포가 광역적, 국소적으로 분포됨을 제시하였음. 앞으로 지역 위치에 따른 NB 변화를 분자 유전 및 역학적 관점에서 보다 면밀히 고찰할 필요가 있다고 여겨짐.

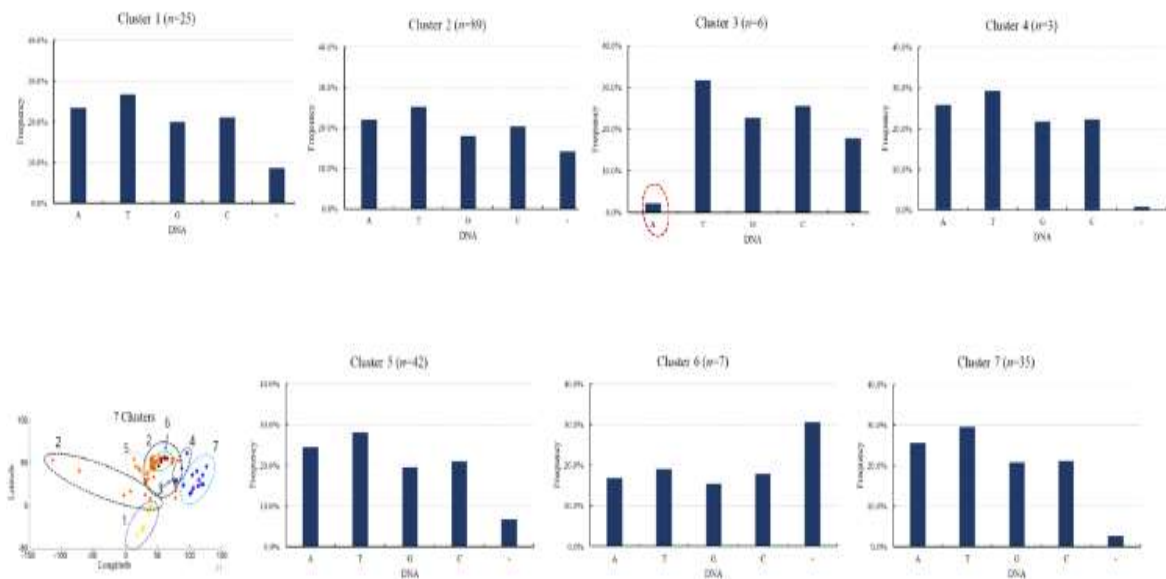
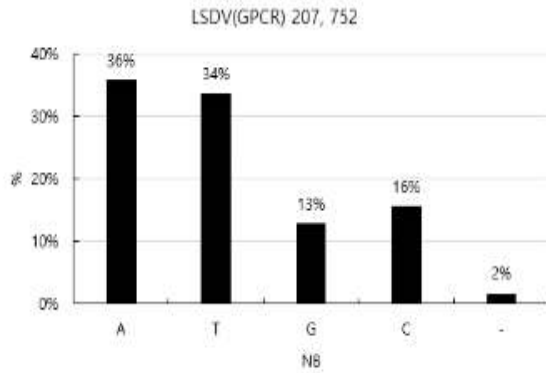


그림 39. Geo-SOM 클러스트링에 따른 LSDV의 NB 출현 빈도

○ 대상이 되는 NB를 전체적 구성과 Geo-SOM에 분석한 입력 자료를 비교하였음. 그림 40a는 LSDV의 GPCR의 752의 전체 위치에서 출현한 전 NB 구성에 대한 빈도를 보임. 전체적으로 A(36%), T(34%)가 G(13%), C(16%)에 비해 현저히 높았고, 상대적으로 NB가 나타나지 않은 빈도(2%)는 낮았음. 그림 40b는 앞서 언급하였듯이 207 샘플에서 NB 구성이 하나라도 다른 위치를 가진 133위치에서의 NB 빈도를 보임. 전체 위치의 빈도와 비교했을 때 G(19%), C(21%) 출현이 A(23%), T(27%)에 비해 현저히 증가하였고, 상대적으로 NB가 나타나지 않은 빈도(17%)도 높아졌음. 앞으로 구성이 다른 NB에서 왜 A, T가 현저히 낮아졌는지, 아울러 NB가 나타나지 않는 위치의 빈도가 증가하였는지 등에 대해 검토할 필요가 있다고 여겨짐.

a)



b)

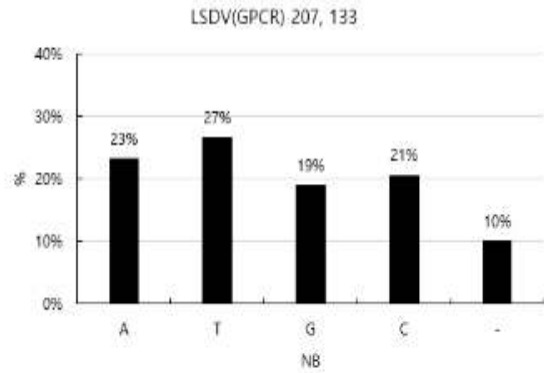
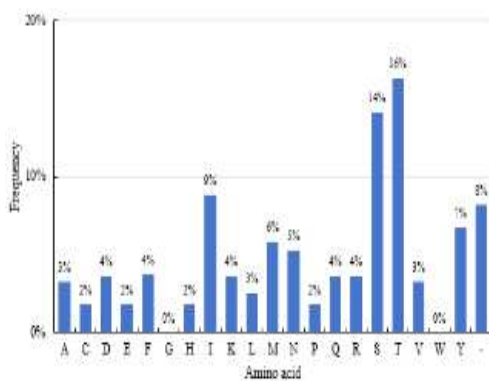


그림 40. LSDV의 GPCR의 752의 전체 위치 및 NB 구성이 다른 133위치에 대한 207 샘플의 빈도

- 아미노산의 공간 분포 유형

- 그림 41은 GPCR의 전체 위치(133)에서의 아미노산 출현(a) 및 아미노산 구성이 같은 위치를 제외한 위치(36)에서의 아미노산 출현(b) 빈도를 비교하였음. 전체 아미노산 출현에서는 Threonine(16%), Serine(14%), Isoleucine(9%)이 높았고, 아미노산이 없는 경우(None, -; 8%)도 상당히 많은 출현을 보였음. 같은 아미노산을 제외한 위치에서의 아미노산 구성[그림 41b]은 다소 달랐음. 전체적으로 T(18%)는 앞의 경우와 같이 높았으나 S(6.7%)는 현저히 낮았고[그림 41b의 청색 화살표], 반면 I(13.5%)는 현저히 높았음[그림 41b의 주황색 화살표]. Y(5%)와 NB가 나타나지 않은 위치(4.5%)는 낮아진 경향을 보였고, 기타 아미노산에서도 다소 달라진 출현도를 보였음.

a)



b)

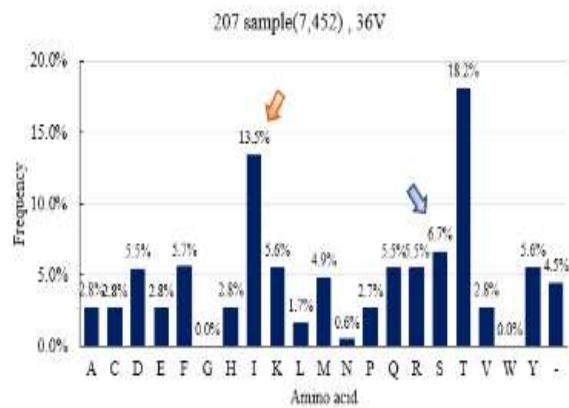


그림 41. LSDV의 GPCR의 전체 위치(133)에서의 NB 출현(a) 및 NB 구성이 같은 위치를 제외한 위치(36)에서의 NB 출현(b) 비교

- 그림 42는 LSDV의 GPCR에서 아미노산 구성이 다른 36개 위치에 대한 Geo-SOM 학습 결과임. 왼쪽의 오디네이션맵에서 그룹핑을 보여줌[그림 42a]. 전체적으로 4개 그룹이 크게 나타나고 기타 작은 그룹이 형성되었음. 그림 42a 왼쪽 위에 있는 노드(실선 원)는 그림 42b에서 보듯이 클러스터 4에 속하고 컴포넌트맵인 그림 42c에서 제시되듯이 남서쪽에 위치하며, 실제 위치는 아프리카에 해당되었음[그림 42d]. 기후로는 여름 저온, 겨울의 많은 강수량과 관련이 있으며 서식지로는 관목지, 초원과 연계되었음[그림 42c, 청색 화살표].

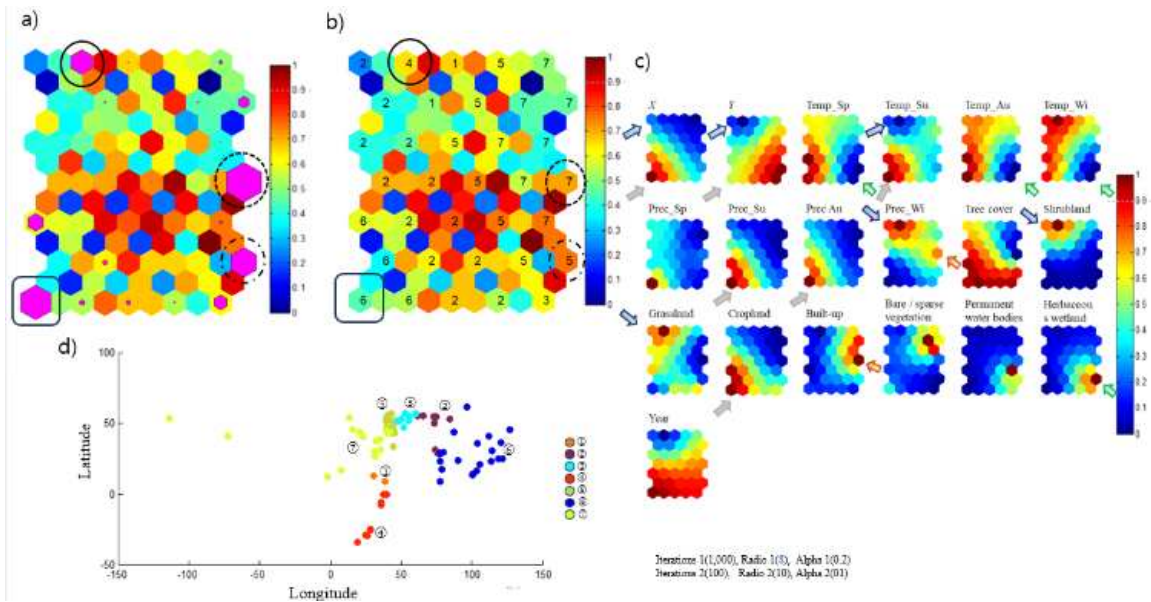


그림 42. GPCR에서 아미노산 구성이 다른 36위치에 대한 공간적 유형성

- 그림 43a의 오른쪽 경계 아래쪽에 두 개의 큰 노드가 있는데, 위에 있는 노드(점선 원)는 그림 43b에서 보듯이 클러스터 7에 속하였다. 중북부에 위치하며[그림 43c], 실제 위치는 유럽의 발칸 반도와 캐나다, 미국의 북미 지역에 해당되었음[그림 43d]. 겨울의 약간 높은 강수량과 시가지와 연계되었음[그림 42c의 주황색 화살표]. 그림 43a의 오른쪽 경계 아래쪽의 노드(대쉬형 원)는 클러스터 5에 속하며, 러시아 서부 경계 지역에 해당되었음 [그림 43b,d]. 봄, 가을, 겨울의 저온과, 초본성 습지와 연계되었음[그림 43c, 초록색 화살표].

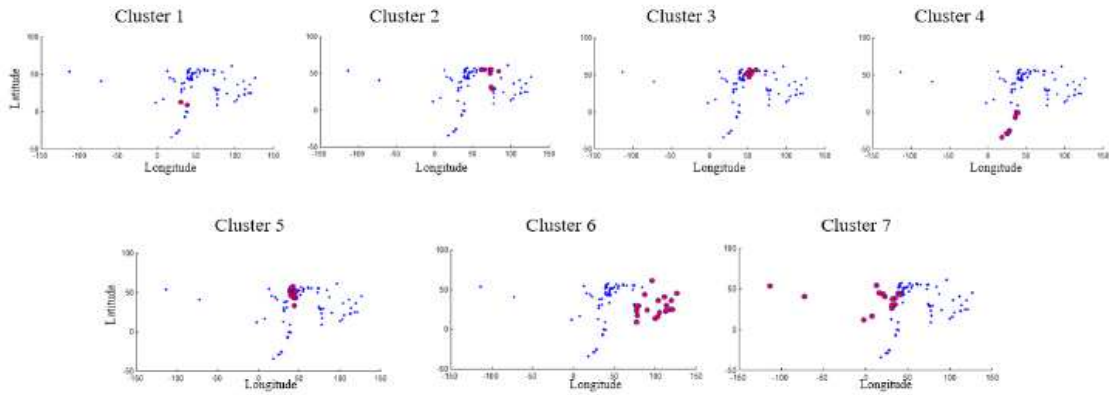


그림 43. 207지점의 아미노산과 환경요인 간의 Geo-SOM에 따른 지리적 위치

- 오디네이션맵의 왼쪽 아래 그룹[그림 42a, 실선 네모]은 클러스터 6에 해당되며[그림 42b, 실선 네모], 동쪽의 아시아와 연관되었음[그림 42c, 회색 화살, 그림 43]. 환경 조건은 여름 고온, 여름과 가을의 높은 강수량과 연계되었고, 경작지에 해당되었음[그림 43 회색 화살표].
- 그림 44은 Geo-SOM 클러스터에 따른 아미노산 빈도를 나타냄. 전체적으로 S와 T가 많이 출현하고, G와 W는 출현하지 않았음. 상대적으로 Y와 아미노산이 출현하지 않은 위치(None; -)의 빈도가 클러스터에 따라 다양하게 나타났음. 아프리카에 해당되는 클러스터 4는 Y(6%)와 None의 빈도(2%)가 상대적으로 낮은 편이었음. 앞서 언급하였듯이 아프리카는 여름 저온, 겨울의 많은 강수량과 관목지, 초원과 연계되었음. Y와 None의 빈도는 대체적으로 클러스터 2, 3가 유사하였음. 클러스터 7에는 아미노산이 출현하지 않은 위치(10%)가 현저히 높았음. 이 노드는 유럽의 발칸 반도와 캐나다, 미국의 북미 지역에 위치하며, 겨울의 약간 높은 강수량과 시가지와 연계되었음.
- 러시아 서부 경계 지역에 해당되는 클러스터 5에 속한 노드도 아미노산이 출현하지 않는 위치의 빈도(5%)가 상대적으로 높게 나타났음. 봄, 가을, 겨울의 저온과, 초본성 습지와 연계되었음. 아시아에 해당되는 클러스터 6은 아미노산이 나타나지 않은 위치(0%)의 빈도가 매우 낮았는데, 여름 고온, 여름과 가을의 높은 강수량과 연계되었고, 경작지와 연관이 높았음. 이로써 지역에 따른 아미노산 구성 특성이 제시되었는데, 추후 아미노산 출현과 연관 지은 생리, 분자 유전적 연구가 더 수행될 필요가 있다고 여겨짐.

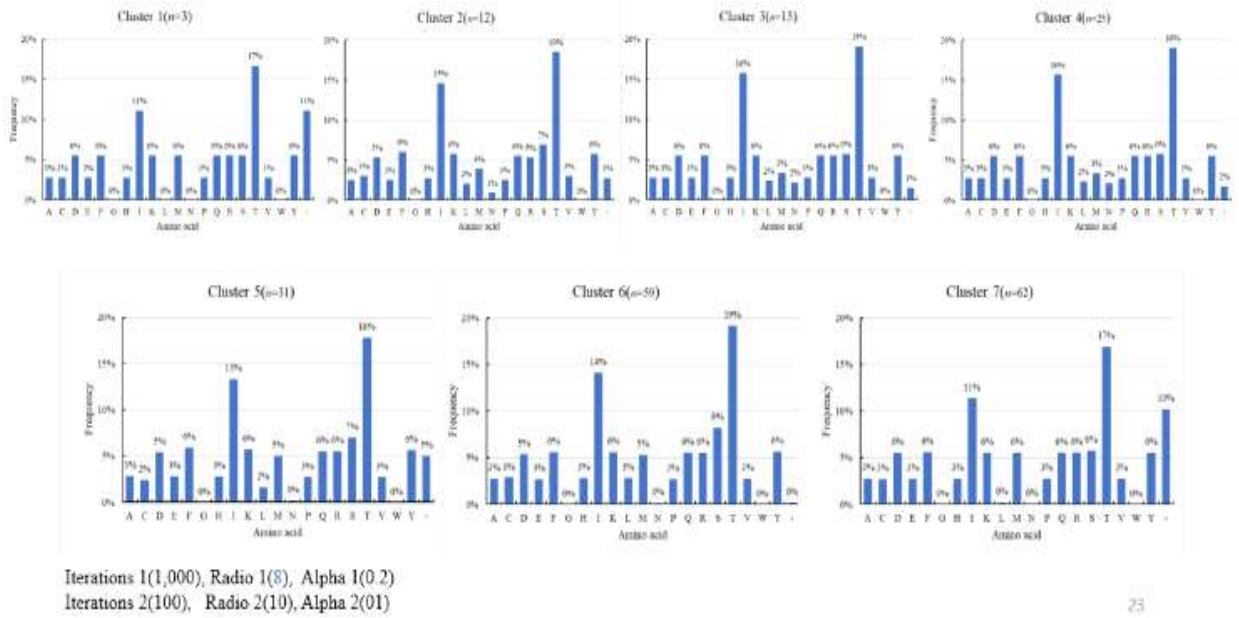


그림 44. Geo-SOM 클러스트에 따른 아미노산 빈도

○ 앞의 환경과 연관 지은 공간적 유형성의 자료 변이가 유전정보 만의 자료 변이와의 연계성을 비교하기 위해 아미노산 자료에 대해서만 Geo-SOM으로 학습하였음. 그림 45는 GPCR 아미노산 만을 대상(환경 변량 제외)으로 한 공간적 유형성을 학습한 결과임. 출력 자료의 전반적인 공간적인 양상은 지속되었으나, 학습에 따라 국소적인 변이가 있어서 모수에 따라 대표적인 학습 A와 학습 B를 제시하였음. 그림45와 그림 46은 학습 A 결과 A(Iterations 1(1,000), Radio 1(8), Alpha 1(0.2); Iterations 2(100), Radio 2(10), Alpha 2(0.1) 임. 지역적인 경향성은 아시아 (클러스트 2), 러시아-아프리카(클러스트 1), 유럽-북아메리카(클러스트 6)로 크게 나누어졌고, 반면 유럽은 클러스트 3, 4, 5 등으로 잘게 구분되었음. 아프리카 수단에 있는 샘플은 별도로 분리(클러스트 7) 되었음[그림 46].

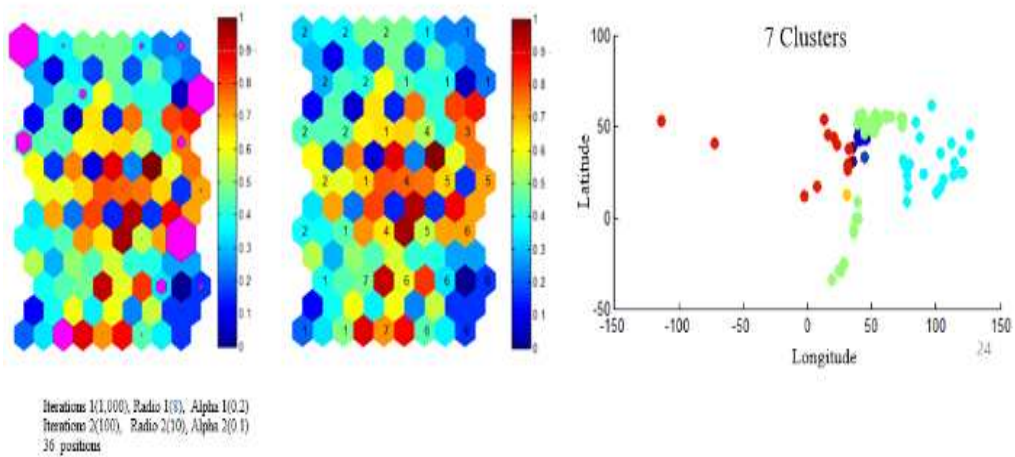
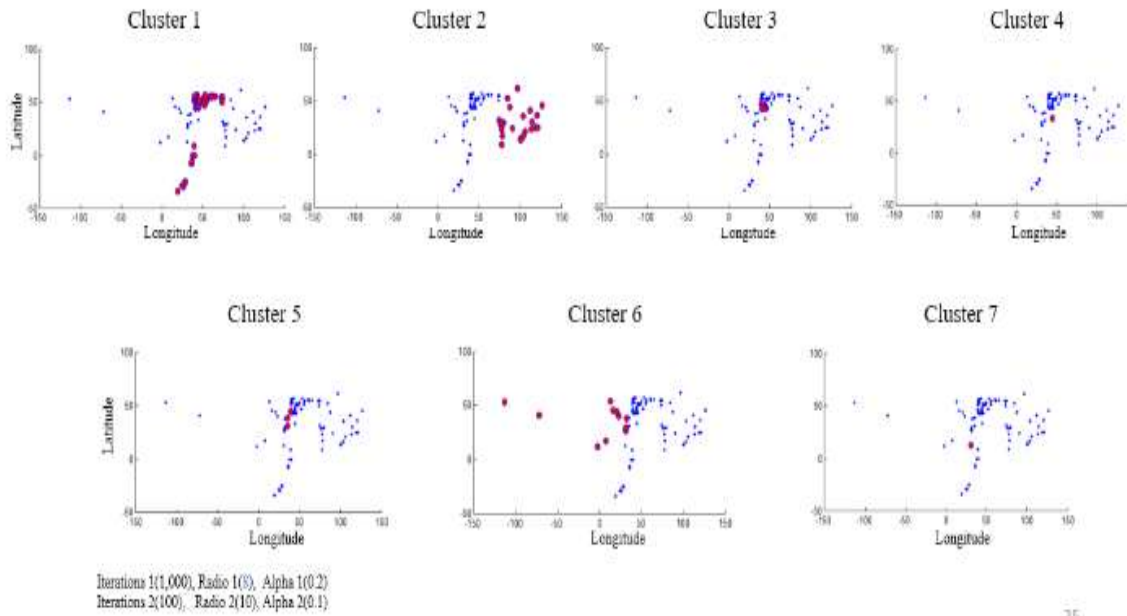


그림 45. GPCR 아미노산을 대상으로 한 공간적 유형성: 학습 A



25

그림 46. GPCR 아미노산의 공간적 유형성에 따른 지리적 분포: 학습 A

○ 그림 47와 48은 학습 B(Iterations 1(1,000), Radio 1(6), Alpha 1(0.2); Iterations 2(100), Radio 2(10), Alpha 2(0.1))의 결과임. 전체적으로 유사한 결과를 보였으나 국소적인 변이가 있었음. 아시아(클러스트 4), 유럽-북아메리카(클러스트 1)은 학습 A와 유사한 결과를 보였음. 반면 러시아-아프리카는 분리되었는데, 남부 아프리카는 별도의 클러스트(5)를 형성하였음[그림 51]. 반면 러시아와 북부 아프리카는 클러스트 2, 3, 6, 7로 분리되었음. 분리된 각 클러스트의 샘플 수는 학습 A보다 다소 많은 샘플을 가진 경향을 보였음. 이로써 두 학습 간에 고정적인 유형과 가변적인 유형이 있음을 알 수 있었음. 주목할 점은 외부 환경 요인과 연계 없이 비록 국소적인 변이가 있었지만 아미노산 정보 만으로 공간적 유형성이 형성된 점임.

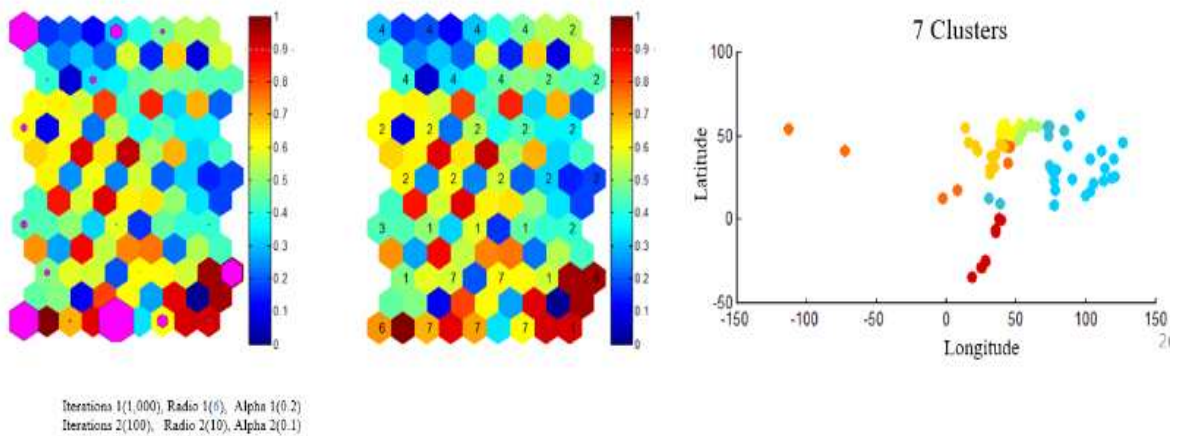
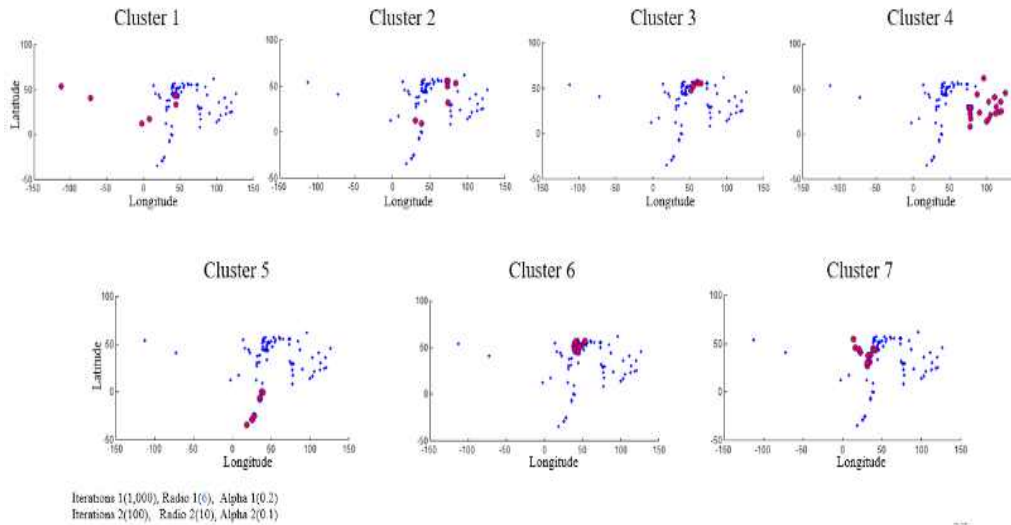


그림 47. GPCR 아미노산을 대상으로 한 공간적 유형성: 학습 B



27

그림 48. GPCR 아미노산의 공간적 유형성에 따른 지리적 분포: 학습 B

○ 그림 49에서 환경 및 아미노산의 조합의 Geo-SOM의 공간적 학습에 따른 전체적 공간 유형성을 비교하였음. 환경 변이만으로 인한 공간적 유형성은 아시아가 독립되어 나타났음[그림 49a]. 이는 앞서 언급하였듯이 아미노산만으로 학습한 결과[그림 49c,d]와 일치하였음. 아울러 러시아 쪽에서 세부적으로 나누어진 양상도 - 각 클러스트에는 변이가 있었지만 - 아미노산만으로 학습한 결과와 유사하였음. 반면 아미노산만으로 학습한 결과에서 보여진 유럽-아메리카는 환경만 학습한 결과에서는 변이가 있어서 아프리카와 북미가 연계되었음[그림 49c,d]. 이로 보아 아프리카와 북미의 연계는 환경 요인 외에 인간적인 요인을 포함한 다른 요인이 작용할 수 있음을 시사하였음. 환경과 아미노산을 같이 학습하였을 때에는(AA + Envi.)[그림 49b], 환경과 아미노산을 따로 학습한 결과의 중간적인 결과를 보였음.

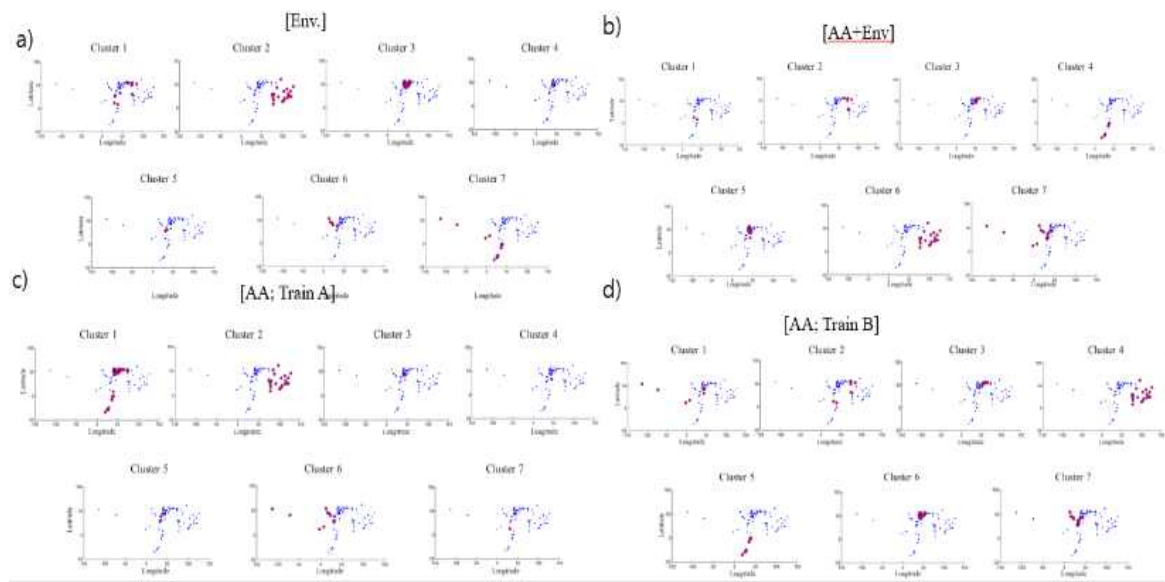


그림 49. 환경 및 아미노산의 조합의 Geo-SOM의 공간적 학습에 따른 지리적 구분 비교

- 그림 50에서 NB 및 아미노산을 환경과 연계한 공간적 유형성을 비교하였음. 공간적 유형성은 구성 샘플은 다소 다르지만, 아시아가 공통되게 나타났음(NB; 클러스트 7, 아미노산; 클러스트 6). 아미노산 학습에서는 북미와 유럽이 연계되었는데[그림 50b, 클러스트 7], NB에서는 보다 넓게 나타나 러시아, 인도를 포함하였음[그림 50a, 클러스트 7]. 추후 핵산과 아미노산 형성과 관련하여 분자유전적 관점에서 더 고찰할 필요가 있다고 여겨 짐.

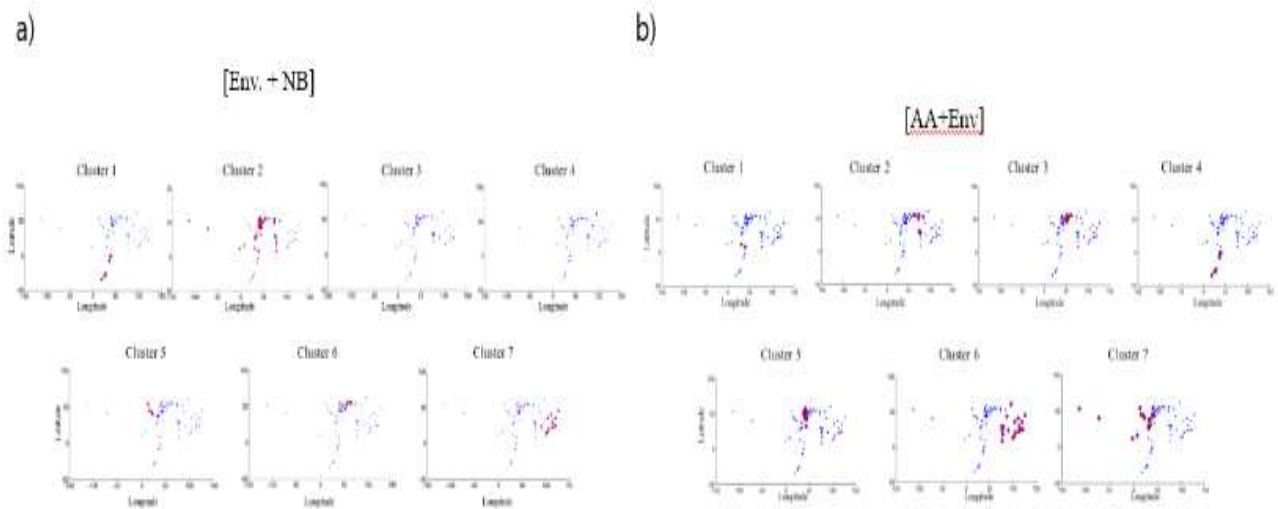


그림 50. NB 및 아미노산을 환경과 연계한 공간적 유형성 비교

- 상기 유전 정보 및 환경요인과의 교차 공간성 유형 분석 결과는 아래와 같이 요약될 수 있음. 일차적으로 아미노산에만 따른 공간적 유형성이 임의로 분리되지 않고 일정한 공간적 유형성을 가지고 분리되었음. 분리된 유형성은 환경 요인만 가지고 유형화한 정보와 상당히 연계되었음. 이는 숙주 내에 서식하는 병원체라도 유전자의 분리가 환경변이를 반영함을 제시하였음. 아울러 분리의 정도가 있어서 고정성이 강한 것과 약한 것으로 나눌 수 있었음. 아시아와 유럽-북아메리카는 고정성이 큰 반면, 러시아는 조건에 따라 국소적인 변이가 있는 것으로 보아 고정성이 약함이 제시되었음.

- 지리적 분포에 따른 아미노산 출현

- 표 21은 Geo-SOM에 학습된 노드별 아미노산의 평균 출현률을 나타냄. 전반적인 출현 경향은 그림 39과 유사하였으나, 이 표에서는 각 노드별로 예외적으로 소수 출현한 양상을 보여줌. 15, 18, 31 번 노드는 1개의 샘플만 출현하였는데, 상당수의 노드는 10개 이하의 작은 샘플을 보였음. 반면 노드 32, 7 및 34에서는 각각 40, 35, 30 샘플이 묶였음.

표 21. Geo-SOM에 의해 학습된 노드별 아미노산의 평균 출현률

Node Number	Number of data	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-
32	40	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.3%	5.6%	0.1%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.8%	16.8%	2.8%	0.0%	5.5%	10.6%
7	35	2.7%	2.9%	5.5%	2.7%	5.6%	0.0%	2.8%	14.0%	5.6%	2.9%	5.3%	0.1%	2.7%	5.6%	5.5%	8.3%	19.4%	2.9%	0.0%	5.6%	0.0%
34	30	2.8%	2.4%	5.6%	2.8%	6.0%	0.0%	2.8%	12.9%	5.6%	1.5%	5.2%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	7.0%	18.1%	2.8%	0.0%	5.6%	5.2%
8	25	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	15.7%	5.6%	2.3%	3.3%	2.1%	2.8%	5.6%	5.6%	5.8%	19.0%	2.8%	0.0%	5.6%	1.8%
5	18	2.9%	2.9%	5.2%	2.8%	5.6%	0.0%	3.0%	14.5%	5.5%	2.9%	5.2%	0.3%	2.6%	5.4%	5.8%	8.0%	19.0%	2.6%	0.0%	5.7%	0.0%
35	15	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	15.7%	5.6%	2.4%	3.3%	2.2%	2.8%	5.6%	5.6%	5.7%	19.1%	2.8%	0.0%	5.6%	1.5%
30	12	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.6%	5.6%	0.2%	5.3%	0.2%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.9%	2.8%	0.0%	5.6%	10.2%
14	6	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.1%	0.0%	2.8%	13.5%	5.6%	2.3%	5.6%	0.0%	3.3%	5.6%	5.6%	7.9%	18.6%	2.8%	0.0%	5.6%	1.9%
13	5	2.2%	3.3%	5.0%	2.2%	6.7%	0.0%	2.8%	13.3%	6.1%	1.7%	4.4%	0.0%	2.2%	5.6%	5.0%	7.8%	17.8%	3.3%	0.0%	6.1%	4.4%
21	5	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	15.6%	5.6%	2.2%	3.3%	1.7%	2.8%	5.6%	5.6%	6.1%	18.9%	2.8%	0.0%	5.6%	2.2%
29	4	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	12.5%	5.6%	1.4%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	6.9%	18.1%	2.8%	0.0%	5.6%	5.6%
33	3	2.8%	1.9%	5.6%	2.8%	6.5%	0.0%	2.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.7%	2.8%	0.0%	5.6%	11.1%
9	2	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.7%	2.8%	0.0%	5.6%	11.1%
23	2	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.7%	2.8%	0.0%	5.6%	11.1%
28	2	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	15.3%	5.6%	2.8%	4.2%	1.4%	2.8%	5.6%	5.6%	6.9%	19.4%	2.8%	0.0%	5.6%	0.0%
15	1	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.7%	2.8%	0.0%	5.6%	11.1%
18	1	5.6%	2.8%	0.0%	2.8%	2.8%	0.0%	2.8%	27.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	5.6%	5.6%	5.6%	8.3%	0.0%	0.0%	8.3%	0.0%
31	1	2.8%	2.8%	5.6%	2.8%	5.6%	0.0%	2.8%	11.1%	5.6%	0.0%	5.6%	0.0%	2.8%	5.6%	5.6%	5.6%	16.7%	2.8%	0.0%	5.6%	11.1%

- 아미노산 별로 다양하게 출현하였음. 전체적으로 높게 나타난 Isoloucine(I)의 경우, 11.1 - 15.7%이었는데, 예외적으로 18번 노드에서 현저히 높게(27.8%) 나타났음. Lysine(K; 11.1%)도 상대적으로 높게 나타났음. 반면 Aspartic acid(D), Methionine(M), Proline(P), Threonine(T), Valine(V) 등은 낮게 나타났음. Leucine(L), Asparagine(N) 및 아미노산이 나타나지 않는 위치(None, -)의 반도 변이가 높았음. 지리적으로는 Keyna에 속한 18번 노드가 장소에 따라 다양한 변이를 보였음.
- 표 22는 Geo-SOM에 입력된 아미노산별 출현 수를 종합한 결과를 제시하였음. 전체적으로 많은 샘플 장소에서 0 - 2개의 소수로 출현하였음. 그러나 Treonine(T), Isoleucine(I)의 경우에는 각각 6-8, 3-10개의 출현 수가 높았음. 해당 위치에 아미노산이 없는 경우(None; -)도 4개가 84샘플에서 출현하였음. 대부분 1개 출현한 아미노산은 Alanine(A), Cystine(C), Glutamic acid(E), Histidine(H), Leucine(L), Proline(P), Tyrosine(Y)이고, 2개 출현한 아미노산은 Aspartic acid(D), Phenylalanine(F), Lysine(K), Methionine(M), Gluitamine(Q), Arginine(R), Serine(S) 및 Tyrosine(Y)이었음.

표 22. Geo-SOM에 입력된 아미노산별 출현수

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-
0	2	5	2	2	0	207	0	0	0	84	4	168	4	0	0	0	0	2	207	0	123
1	203	199	2	205	1	0	206	0	2	120	43	37	202	1	3	1	0	203	0	1	0
2	2	3	203	0	199	0	1	0	201	3	160	2	1	206	202	121	0	2	0	202	0
3	0	0	0	0	5	0	0	1	2	0	0	0	0	0	2	83	2	0	0	4	0
4	0	0	0	0	2	0	0	84	2	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	84
5	0	0	0	0	0	0	0	75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	0	87	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

- 전체적으로 Alanine(A), Cystine(C), Glutamic acid(E), Histidine(H), Proline(P), Valine(V)에서 1개 출현이 압도적으로 많았고, Aspartic acid(D), Phenylalanine(F), Lysine(K), Glutamic acid(Q), Arginine(R), Tyrosine(Y)는 두 개가 매우 많았음. Isoloucine(I), Leucine(L), Methionine(M), Asparagine(N), Sereine(S), Threonine(T), None은 분리되어 나타나는 경향을 보였음. 반면 Glycine(G)과 Tryptophan(W)은 전부 출현하지 않았음.
- 그림 50~53는 아미노산별 조사 위치에 따른 출현 수를 나타냄. 제일 많이 출현한 Threonie(T)은 대부분 6, 7개로 출현하였으나 예외적으로 인도(Madhya Pradesh 인근)와 이락(Baghdad 인근)에서 3개로 낮게 나타났음. 아프리카를 포함한 서부 지역은 대부분 6개로 출현하고, 러시아, 아시아를 포함한 동부지역에는 주로 7개가 출현하였음. 다음으로 많이 출현한 Serine(S)은 2, 3개 출현하였는데, 1개나 4개가 출현한 경우가 있었음. Serine의 경우 대부분 2개와 3개로 나타났음. 유럽 쪽에는 대부분 2개, 아시아 쪽에는 3개 나타났음. 아프리카에서는 대부분 2개였으나, Kenya에서 한 지점에서 3개로 나타났음.

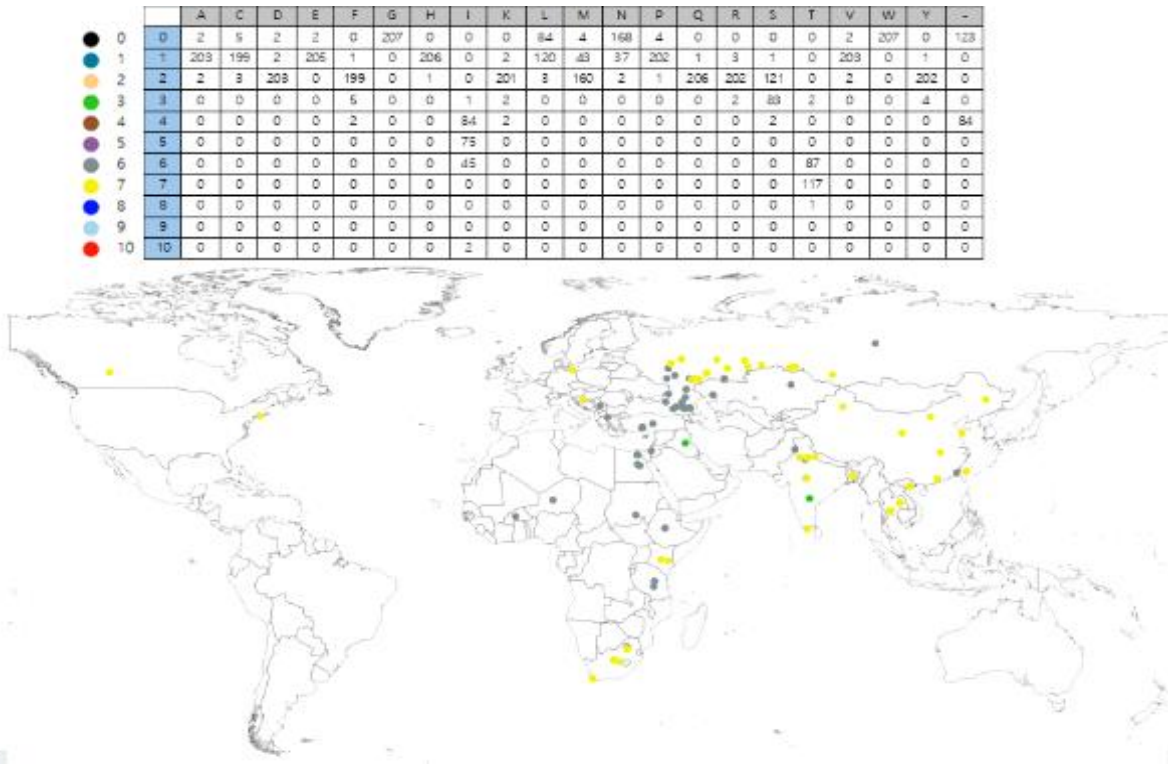


그림 50. 조사 위치별 아미노산 출현 수(Threonine; T)

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-	
0	0	2	5	2	2	0	207	0	0	0	84	4	168	4	0	0	0	0	2	207	0	123
1	203	199	2	205	1	0	206	0	2	120	48	37	202	1	3	1	0	203	0	1	0	0
2	2	2	3	203	0	199	0	1	0	201	3	160	2	1	206	202	121	0	2	0	202	0
3	3	0	0	0	0	5	0	0	1	2	0	0	0	0	0	2	88	2	0	0	4	0
4	0	0	0	0	0	2	0	0	84	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	84
5	5	0	0	0	0	0	0	0	75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	6	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	0	87	0	0	0	0
7	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0	0
8	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
9	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	10	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

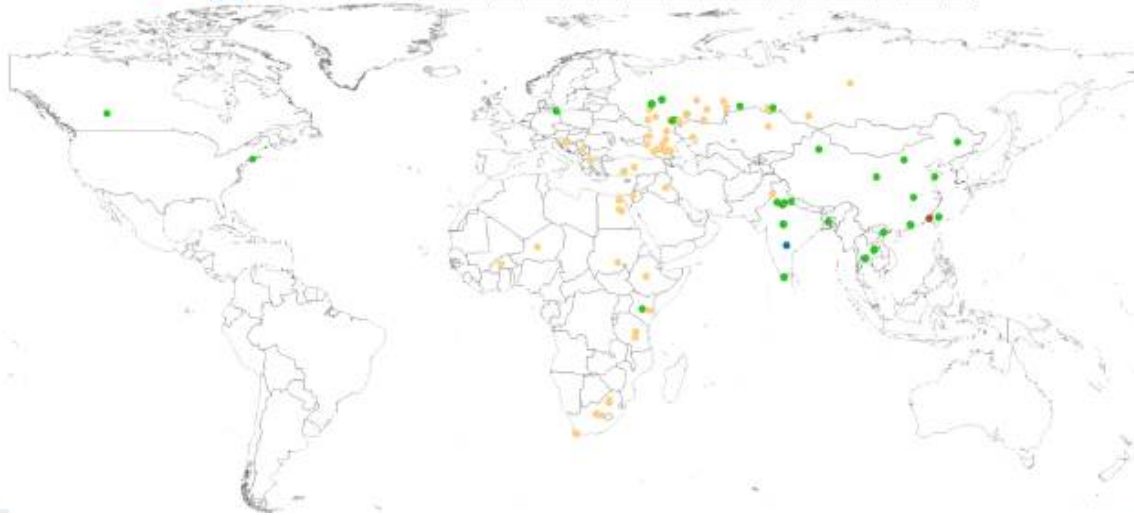


그림 51. 조사 위치별 아미노산 출현 수(Serine; S)

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-	
0	0	2	5	2	2	0	207	0	0	0	84	4	168	4	0	0	0	0	2	207	0	123
1	1	203	199	2	205	1	0	206	0	2	120	48	37	202	1	3	1	0	203	0	1	0
2	2	2	3	203	0	199	0	1	0	201	3	160	2	1	206	202	121	0	2	0	202	0
3	3	0	0	0	0	5	0	0	1	2	0	0	0	0	0	2	88	2	0	0	4	0
4	4	0	0	0	0	2	0	0	84	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	84
5	5	0	0	0	0	0	0	0	75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	6	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	0	87	0	0	0	0
7	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0	0
8	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
9	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	10	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

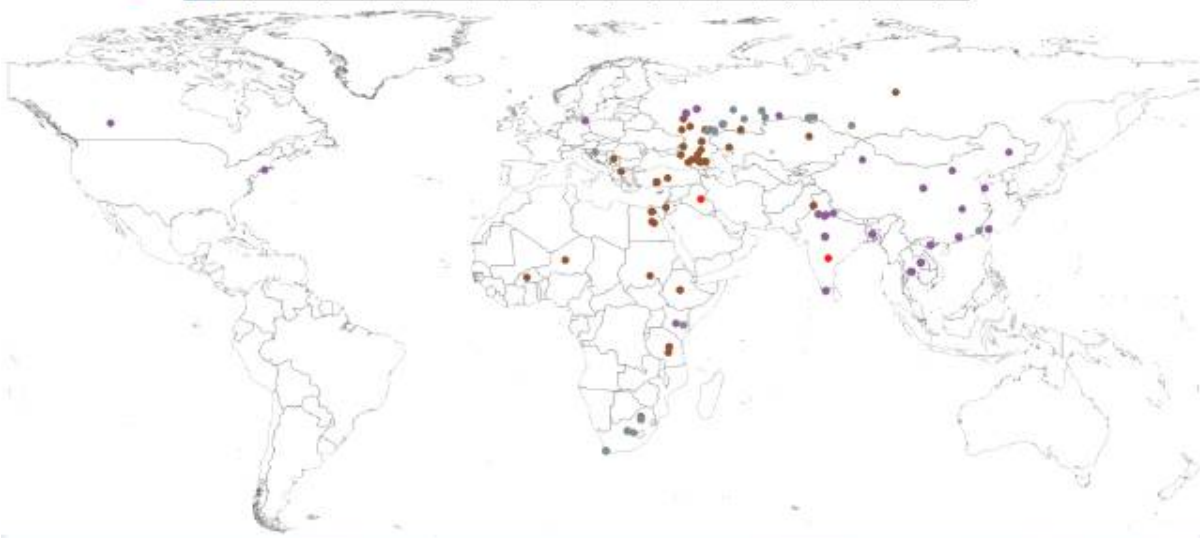


그림 52. 조사 위치별 아미노산 출현 수(Isoleucine; I)

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y	-
0	2	5	2	2	0	207	0	0	0	84	168	1	0	0	0	0	0	2	207	0	123
1	203	199	2	205	1	0	206	0	2	120	45	87	202	1	3	1	0	203	0	1	0
2	2	3	203	0	199	0	1	0	201	3	160	2	1	206	202	121	0	2	0	202	0
3	0	0	0	0	5	0	0	1	2	0	0	0	0	0	2	85	2	0	0	4	0
4	0	0	0	0	2	0	0	84	2	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	84
5	0	0	0	0	0	0	0	75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	87	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

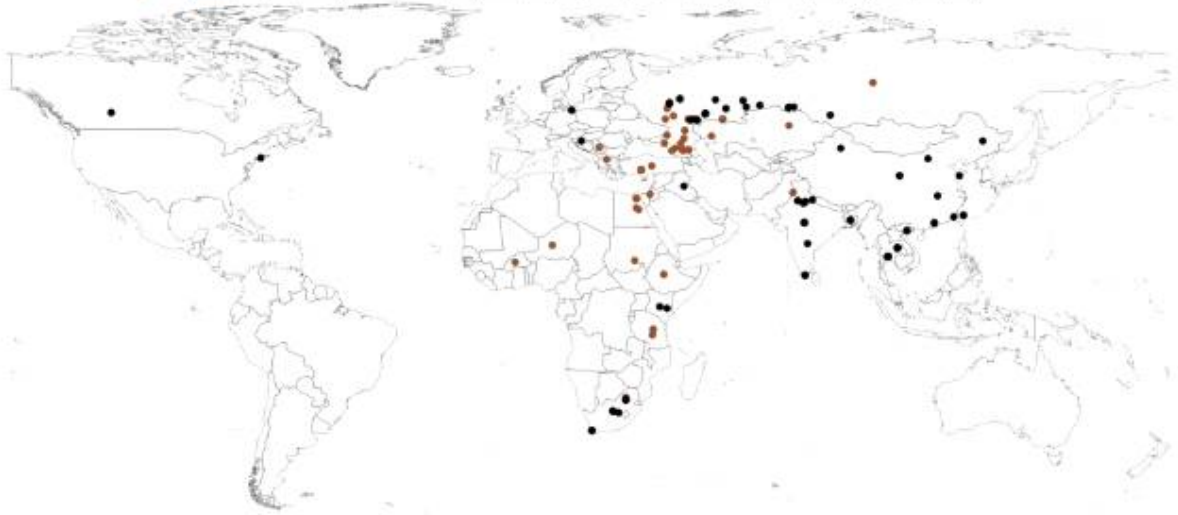


그림 53. 조사 위치별 아미노산 출현 수(None, -)

- Isoleucine(I)은 3 - 10개로 다양하게 나타났는데, 대부분 6, 7개 출현하였음. 아프리카, 유럽과 러시아 등의 서부에서는 전체적으로 4개 출현하였고, 아시아를 포함한 동부에서는 5개 출현하였음. 아울러 유럽북부와 북미에도 5개 출현하였음. 러시아 중동부는 6개로 높게 나타났음. 앞서 Threonine(T)이 인도(Madhya Pradesh 인근)와 이라크(Baghdad 인근)에서 3개로 낮게 나타났는데, 이 곳에서 Isoleucine(I)은 10개로 높게 나타났음. 아미노산이 출현하지 않은 빈도(None; -)도 다양하였는데, 123곳에서는 출현하지 않았으나 84군데서 4개 출현하였음. 4개 출현한 곳은 주로 아프리카, 유럽이었음. 출현하지 않은 곳은 러시아, 아시아, 북미 및 남아프리카를 포함한 일부 지역이었음.
- Alanine(A)의 경우 대부분 1개 출현하였는데, 인도(Madhya Pradesh 인근)와 이라크(Baghdad 인근)에서 2개 출현하였음. Cystine(C)도 Alanine과 유사하게 대부분 1개 출현하였음. Aspartic acid(D)는 대부분 2개 출현하였는데 인도(Madhya Pradesh 인근)와 이라크에서는 출현하지 않았고, 중국(Fujian 인근) 한 곳에서는 3개 출현하였음. Glutamic acid는 대부분 1곳에서 출현하였음. Phenylalanine은 대부분 2개 출현하였고, 유럽일부와 이라크(Baghdad 인근), 중국(Fujian 인근)에서 3개 출현하였음. Histidine은 대부분 1개 출현하였음. Lysine은 대부분 두 개 출현하였는데, 인도(Madhya Pradesh 인근)와 이라크(Baghdad 인근)에서 4개 출현하였고, 중국(Fujian 인근)에서 3개 출현하였음. Methionine은 개수가 다소 다양하게 나타났는데, 2개(160)가 많았지만 1개는 러시아에서 나타났고, 출현하지 않은 곳은 인도(Madhya Pradesh 인근), 이라크(Baghdad 인근), 중국(Fujian 인근)이었음.

- Asparagine은 다수가 출현하지 않았는데, 1개가 러시아 일부에서 출현하였고, 2개가 인도(Madhya Pradesh 인근), 이라크(Baghdad 인근)에서 나타났음. Proline은 대부분 1개 출현하였고 인도(Madhya Pradesh 인근), 이라크(Baghdad 인근)에서 나타나지 않았음. Glutamine은 대부분 1개 출현하였음. Arginine은 대부분 2개 출현하였으나 인도(Madhya Pradesh 인근), 중국(Fujian 인근)에서 3개 나타났음. Valine은 대부분 1개 나타났는데, 인도(Madhya Pradesh 인근), 이라크(Baghdad 인근)에서 출현하지 않았고, 중국(Fujian 인근)에서 2개 출현하였음. Tyrosine은 전체적으로 2개 출현하였는데 인도(Madhya Pradesh 인근), 이라크(Baghdad 인근), 중국(Fujian 인근)에서 세 개 나타났음.
- 요약하면 각 아미노산이 지리적으로 다르게 출현하는 양상을 보였음. 대부분 1개와 2개가 출현하였으나 Isoleucine, Threonine 및 해당 위치에 아미노산이 출현하지 않은 위치(None; -)의 빈도가 다수 출현하였음. 이로써 GPCR의 유전적 다양화에 Isoleucine, Threonine 등이 관여됨을 시사하였음. 이란(97; Baghdad 인근), 인도(Madhya Pradesh 인근)(127; Madhya Pradesh 인근) 및 중국(8; Fujian 인근)에서 일관적으로 다르게 나타나는 경향을 보였음. 추후 모델링 관점에서는 보다 많은 자료에 대해서 분자유전, 생리적 관점에서 검토가 필요하다고 여겨짐.

(다) 연구결과

- 복잡한 질병 유전자 자료의 공간적 전파 양상을 환경요인과 연계지어 유형화하고 시각화하였음. Geo-SOM을 통해 핵산과 아미노산에 대한 지리적 특성화를 제시할 수 있었음. 아미노산에만 따른 공간적 유형성이 임의로 분리되지 않고 일정한 공간적 유형성을 가지고 분리되었음. 분리된 유형성은 환경 요인만 가지고 유형화한 정보와 상당히 연계되었음. 이는 숙주 내에 서식하는 병원체라도 유전자의 분리가 환경변이를 반영함을 제시하였음. 공간 유형성에 따른 분리의 정도가 있어서 고정성이 강한 것과 약한 것으로 나눌 수 있었음. 아시아와 유럽-북아메리카는 고정성이 큰 반면, 러시아는 조건에 따라 국소적인 변이가 있는 것으로 보아 고정성이 약함이 제시되었음.

라. 니파 바이러스(Nipa Virus; NV)의 국제적 전파 양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석

(가) 입력 자료

- 세계에서 NV가 보고된 9개 지점 자료를 입수하였으며, 환경변수와 유전 정보는 본 연구에서 수행된 림프스킨바이러스와 같은 방법으로 진행하였다.
- NB길이 : 18,252
- 맨뒤에서 2,000개 부분 중 결구 위치 제외, 9지점 DNA가 같은 위치를 제외하여 183 위치 산정 (4자리로 변환)
- GeoSOMdata 길이(183*4=732)

(나) 분석

- 그림 54와 55는 NV의 GPCR에서 아미노산 구성이 다른 9위치에 대한 Geo-SOM 학습 결과임. 크게 2개의 무리로 나누어졌는데(4, 2 클러스트), 4번 클러스트는 동부에 있었으며 방글라데스와 인도가 해당되었고, 2번 클러스트는 해당 지역이 없었음. 작은 그룹은 5번과 1번 클러스트였는데 각각 미국과 말레이시아가 해당되었음(그림 54).
- 환경요인 분석결과 4번 클러스트는 높은 여름 강우 및 시가지와 연계되었음(그림 55 화살표).

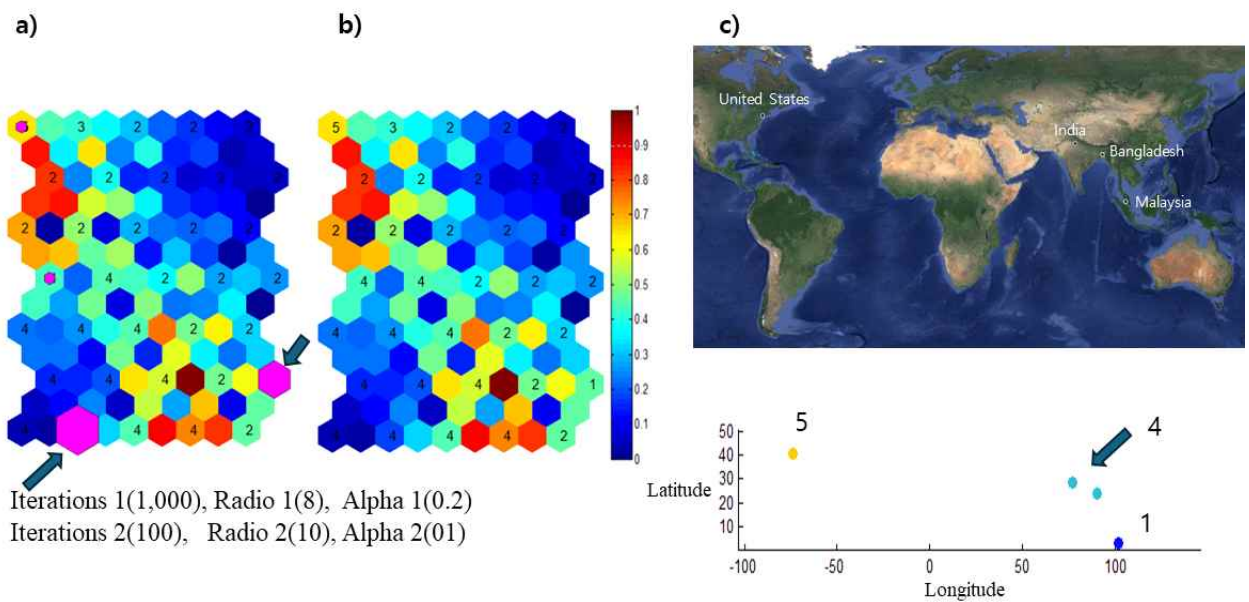


그림 54. GPCR에서 아미노산 구성이 다른 9위치에 대한 공간적 유형성

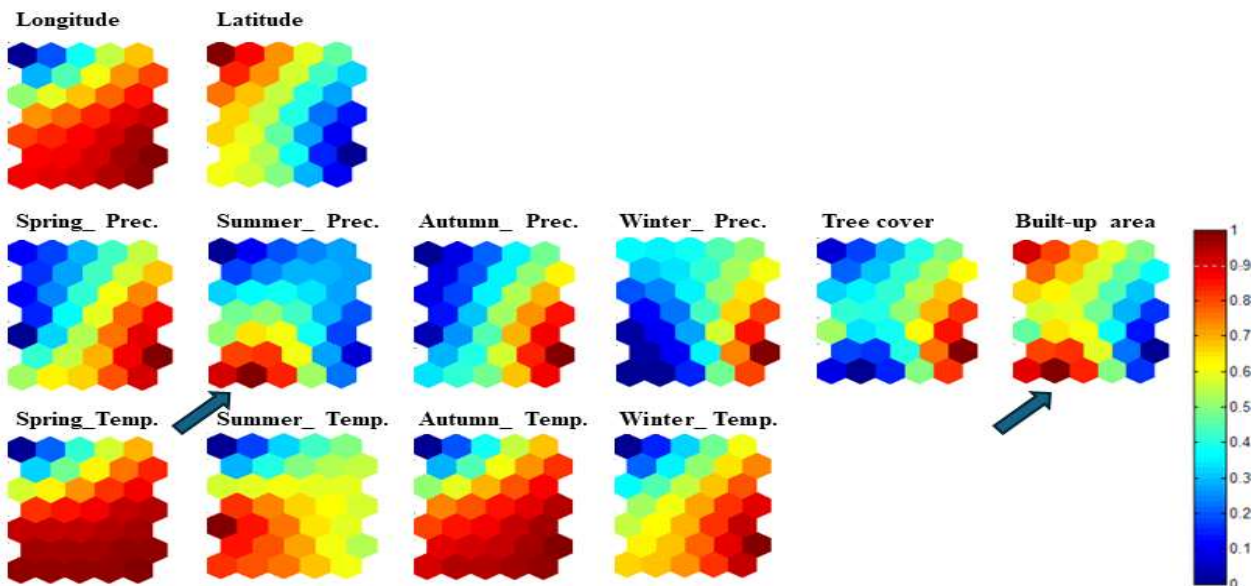


그림 55. NV 유전정보를 가진 13지점의 환경요인에 대한 공간적 유형성

마. 웨스트나일 바이러스(West Nile Virus; WNV)의 국제적 전파 양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석

(가) 입력 자료

- 세계에서 WNV가 보고된 13개 지점 자료를 입수하였으며, 환경변수와 유전 정보는 본연구에서 수행된 렘피스킨바이러스와 같은 방법으로 진행하였음.
- NB길이 : 11,030
- 맨뒤에서 500개 부분 중 결구 위치 제외, 13지점 DNA가 같은 위치를 제외하여 440 위치 산정 (4자리로 변환)
- GeoSOMdata 길이(440*4=1,760)

(나) 분석

- 그림 56과 57은 WNV의 GPCR에서 아미노산 구성이 다른 13위치에 대한 Geo-SOM 학습 결과임. 공간적으로 크게 3개의 무리로 나누어졌는데(2, 4, 5 클러스트, 그림 56 화살표), 4번 클러스트는 좁은 지역으로 이탈리아에 해당되었으며, 5번 클러스트는 넓게 서부 지역(서유럽, 나이지리아)에, 2번 클러스트는 넓게 동부 지역(동유럽)에 해당되었음(그림 57).

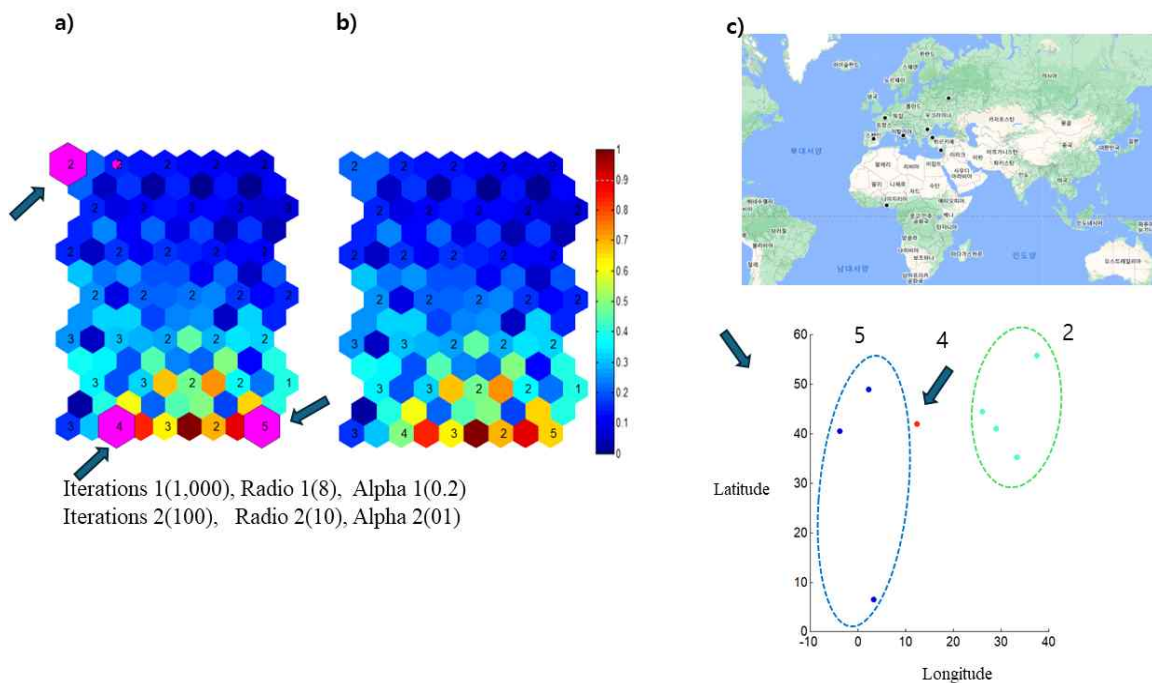


그림 56. GPCR에서 아미노산 구성이 다른 9위치에 대한 공간적 유형성

- 환경요인은 4번 클러스트(화살표)는 높은 겨울 강우 및 시가지와 연계되었으며, 5번 클러스트(청색 점선 타원)는 봄과 여름의 높은 강우, 봄, 가을, 겨울의 높은 온도와 연계되었음. 2번 클러스트는(빨간색 점선 타원)는 산림과 연관되었고, 전반적으로 낮은 강수량과 온도와

연관이 있었음(그림 57).

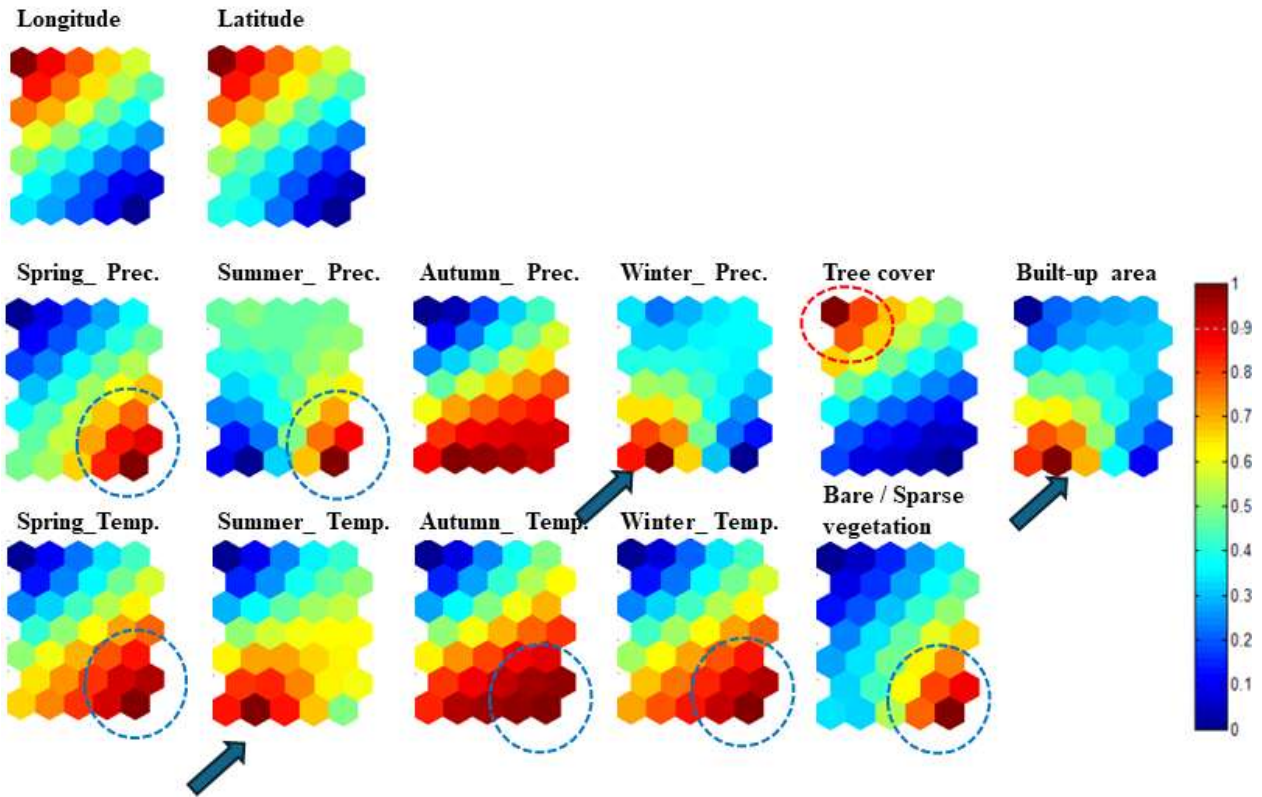


그림 57. WNV 유전정보를 가진 13지점의 환경요인에 대한 공간적 유형성

사) 시사점

- 발병 장소, 환경 및 질병의 유전자를 연계한 공간적 분석은 지리적 특성에 따른 유전정보 분화 현상을 효과적으로 제시할 수 있었음. 본 연구에서는 핵산과 아미노산과의 공간적 유형성을 현상학적으로 비교하였는데 추후 핵산이 아미노산으로 전환되는 과정 등의 분자유전적 연구와 숙주와 병원체의 생태적 적응에 대해 연구할 필요가 있음. 나아가 본 연구에서는 자료 기반에 의한 연구를 수행했으나 숙주의 분산, 병원체의 전파 및 유전자 다양화를 고려한 기작모델을 개발할 필요가 있다고 여겨짐.

3. 연구개발과제의 수행 결과 및 목표 달성 정도

1) 연구수행 결과

(1) 정성적 연구개발성과

가. 국제협력을 기반구축을 위한 동남아국가 MOU 체결

- 2개국(베트남, 방글라데시) MOU 협약 체결
 - 방글라데시 이슬람대학(Department of Biotechnology and Genetic Engineering) - 강원대학교 산학협력단 간 MOU 체결
 - 베트남 Central Vietnam Veterinary Institute - 강원대학교 산학협력단 간 MOU 체결

나. 국제협력체계 구축을 위한 국제심포지엄 내 특별 세션 운영

- 심포지엄 : 2022 International symposium of Institute of Forest Science
 - 세션명 : Virome Database Construction, Infection Mechanism and Spread Model Research for Preemptive Response to Virus Spread
- 참여국 : 3개국 (베트남, 방글라데시, 한국)
- 발표자 : 5명

(2) 정량적 연구개발성과

(단위 : 건수, 백만원, 명)

성과 목표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권				기술 실시 (이전)		사업화				기술 인증	학술성과			교육 지도	인력 양성	정책 활용·홍보		기타 (타연구활용등)	
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	S M A R T	건 수	기술 료	제 품 화	매 출 액	수 출 액	고 용 창 출		투 자 유 치	논문				학 술 발 표	정 책 활 용		홍 보 전 시
													S C I	비 S C I						
단위	건	건	건	평 가 단 위	건	백 만 원	건	백 만 원	백 만 원	명	백 만 원	건	건	건	명	건	건			
가중치	10	-			10	-								30		30	20			
최종목표	1	0			1	0						3	3	5		2	1			
연구기간내 달성실적	1	1			1	10						4	5	13		2	1			
달성률 (%)	100	초과 달성			100	초과 달성						133	166	260		100	100			

< 정량적 연구개발성과표(예시) >

(단위 : 건, 천원)

성과지표명		연도	1차년도 (2022~2022)	2차년도 (2023~2023)	계	가중치 (%)
전담기관 등록·기탁 지표 ¹⁾	기술실시	목표(단계별)	0	1	1	
		실적(누적)	0	1	1	
	정책활용	목표(단계별)	0	1	1	20
		실적(누적)	0	1	1	
	논문 (SCI)	목표(단계별)	0	3	3	
		실적(누적)	3	1	4	
	논문 (비SCI)	목표(단계별)	0	3	3	
		실적(누적)	2	3	5	
	학술발표	목표(단계별)	0	5	5	40
		실적(누적)	8	5	13	
인력양성	목표(단계별)	1	1	2	30	
	실적(누적)	0	2	2		
연구개발과제 특성 반영 지표 ²⁾	특허출원	목표(단계별)	0	1	1	10
		실적(누적)	0	1	1	
	MOU체결	목표(단계별)	1	0	1	
		실적(누적)	2	0	2	
	심포지엄개최	목표(단계별)	1	0	1	
		실적(누적)	1	0	1	
계	목표(단계별)	3	15	18		
	실적(누적)	16	14	30		

(3) 세부 정량적 연구개발성과(해당되는 항목만 선택하여 작성하되, 증빙자료를 별도 첨부해야 합니다)

[과학적 성과]

논문(국내외 전문 학술지) 게재

번호	논문명	학술지명	주저자명	호	국명	발행기관	SCIE 여부 (SCIE/비SCIE)	게재일	등록번호 (ISSN)	기여율
1	A Vaccine Based on Asia1 Shanir of the Foot-and-Mouth Disease Virus Offers Low Levels of Protection to Pigs against Asia1/MOG/05, Circulating in East Asia	Viruses	김희연, 서희원	14	스위스	MDPI	SCIE	2022.08.04	1999-4915	50%
2	Climate Change Influences the Spread of African Swine Fever Virus	Veterinary sciences	Shraddha Tiwari, Thakur Dhakal	9	스위스	MDPI	SCIE	2022.11.01	2306-7381	50%
3	Genome-Wide Searching Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) and SNPs-Targeting a Multiplex Primer for Identification of Common Salmonella Serotypes	Pathogens	Md-Mafizur Rahman	11	스위스	MDPI	SCIE	2022.09.21	2076-0817	50%
4	Bibliographic and network analysis of environmental impacts to animal contagious diseases	한국동물위생학회지	오지선, 이상준	45	대한민국	한국동물위생학회	비SCI	2022.12.01	1225-6552	100%
5	Gizzard impaction and duodenal perforation in a yellow-billed spoonbill (Platalea leucorodia)	한국동물위생학회지	조호성	45	대한민국	한국동물위생학회	비SCI	2022.12.08	1225-6552	100%

6	Isolation and identification of mosquito-borne zoonotic diseases in slaughterhouse in Daejeon	한국동물위생학회지	김영주, 김규래	46	대한민국	한국동물위생학회	비SCI	2023.06.09	1225-6552	100%
7	Comparison of Ventral Midline and Right Flank Approaches of Ovariectomy in Bitches	한국임상수의학회지	Ishwor Dhakal	40	대한민국	한국임상수의학회	비SCI	2023.02.28	1598-298X	100%
8	Mercury poisoning in Eurasian river otter (Lutra lutra)	한국생태학회지	김규래, 안상진	47	대한민국	한국생태학회	비SCI	2023.05.23	2288-1220	100%
9	Predicting Suitable Areas for African Swine Fever Outbreaks in Wild Boars in South Korea and Their Implications for Managing High-Risk Pig Farms	Animals	최주희	13	스위스	MDPI	SCIE	2023.06.29	1076-2615	100%

□ 국내 및 국제 학술회의 발표

번호	회의 명칭	발표자	발표 일시	장소	국명
1	대한바이러스학회 2022 정기학술대회	오연수	2022.08.27	양양 을지개발원	대한민국
2	2022 International symposium of Institute of Foreast Science	박영철	2022.10.21	강원대학교 산림환경과학대학	대한민국
3	2022 International symposium of Institute of Foreast Science	Rahman Md Mafzur	2022.10.21	강원대학교 산림환경과학대학	대한민국
4	2022 International symposium of Institute of Foreast Science	임상진	2022.10.21	강원대학교 산림환경과학대학	대한민국
5	2022 International symposium of Institute of Foreast Science	전태수	2022.10.21	강원대학교 산림환경과학대학	대한민국
6	대한수의학회 2022 추계학술대회	이상준	2022.11.17	제주국제컨벤션센터	대한민국
7	대한수의학회 2022 추계학술대회	김태연	2022.11.17	제주국제컨벤션센터	대한민국
8	2022년 한국환경유전자학회 추계학술대회	전태수	2022.12.15	제주 그라벨 호텔	대한민국
9	14th European Symposium of Porcine Health Management	오연수	2023.05.31	그리스 테살로니키콘서트홀	그리스

10	14th European Symposium of Porcine Health Management	오연수	2023.05.31	그리스 테살로니키콘서트홀	그리스
11	14th European Symposium of Porcine Health Management	오연수	2023.05.31	그리스 테살로니키콘서트홀	그리스
12	2023년도 제 35차 한국수의병리학회 학술대회	이상준	2023.10.13	서울 더리버사이드호텔	대한민국
13	(사)대한수의학회 2023년 추계국제학술대회	전승민	2023.11.30	제주 국제컨벤션센터	대한민국

[기술적 성과]

지식재산권(특허, 실용신안, 의장, 디자인, 상표, 규격, 신제품, 프로그램)

번호	지식재산권 등 명칭 (건별 각각 기재)	국명	출원				등록			기여율	활용 여부
			출원인	출원일	출원 번호	등록 번호	등록인	등록일	등록 번호		
1	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도	대한민국	강원대학교 산학협력단	2022.12.29	10-2022-0188478	1-1-2022-1417307-56	강원대학교 산학협력단	2023.08.23	10-2571382	100%	특허

○ 지식재산권 활용 유형

※ 활용의 경우 현재 활용 유형에 √ 표시, 미활용의 경우 향후 활용 예정 유형에 √ 표시합니다(최대 3개 중복선택 가능).

번호	제품화	방어	전용실시	통상실시	무상실시	매매/양도	상호실시	담보대출	투자	기타
1	√									

[경제적 성과]

기술 실시(이전)

번호	기술 이전 유형	기술 실시 계약명	기술 실시 대상 기관	기술 실시 발생일	기술료 (해당 연도 발생액)	누적 징수 현황
	특허권 양도	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도	(주)엔에이피	2023. 12. 07	10,000,000	10,000,000

[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	석사	2023		1				1						1
2	석사	2023		1			1							1

□ 정책 활용 내용

번호	구분 (제안/채택)	정책명	관련 기관 (담당 부서)	활용 연도	채택 내용
1	제안	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 활용	국립공원연구원 (생태연구부)	2023	국내에서 확산되고 있는 럼피스킨병 바이러스에 대해 본 연구팀이 개발한 럼피스킨병 바이러스 검출용 마커를 활용하여 신속한 바이러스 탐지

[인프라 성과]

□ 연구시설·장비

구축기관	연구시설/ 연구장비명	규격 (모델명)	개발여부 (○/×)	연구시설·장비 종합정보시스템* 등록여부	연구시설·장비 종합정보시스템* 등록번호	구축일자 (YY.MM.DD)	구축비용 (천원)	비고 (설치 장소)

* 「과학기술기초법 시행령」 제42조제4항제2호에 따른 연구시설·장비 종합정보시스템을 의미합니다.

[그 밖의 성과](해당 시 작성합니다)

(4) 계획하지 않은 성과 및 관련 분야 기여사항(해당 시 작성합니다)

- 당초 연구목표는 특허출원 1건이었으나 특허등록 및 기술이전까지 수행함.
- 2023년 10월 국내 첫 소 럼피스킨 바이러스 발생에 따른 본과제 수행결과인 특허기술을
업체에 기술이전을 통한 럼피스킨 바이러스를 신속 정확하게 검출할 수 있게 지원함.

2) 목표 달성 수준

추진 목표	달성 내용	달성도(%)
<ul style="list-style-type: none"> 국제 협력을 통한 바이러스 예방/특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축 	<ul style="list-style-type: none"> 국제협력 기반 구축을 위한 MOU 체결 국제협력 체계 구축을 위한 국제 심포지엄 내 특별세션 운영 	100
<ul style="list-style-type: none"> 국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명 	<ul style="list-style-type: none"> 가축질병 바이러스 연구를 위한 국내 야생 동물 샘플 수집 바이러스 감염 순환 구조 파악을 위한 무인센서카메라를 이용한 축사 주변 야생동물 서식 현황 모니터링을 위한 연구대상지 선정 및 연구체계 구축 	100
<ul style="list-style-type: none"> 신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립 	<ul style="list-style-type: none"> 럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도 특허 등록 및 기술이전 실시 	100
<ul style="list-style-type: none"> 침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발 	<ul style="list-style-type: none"> 소의 럼피스킨병바이러스(Lumpy skin disease virus; LSDV)의 국제적 전파양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석 	100

4. 목표 미달 시 원인분석(해당 시 작성합니다)

1) 목표 미달 원인(사유) 자체분석 내용

- 해당없음

2) 자체 보완활동

- 해당없음

3) 연구개발 과정의 성실성

- 해당없음

5. 연구개발성과의 관련 분야에 대한 기여 정도

축산 농장 간, 가축과 야생동물간 병원성 바이러스 확산 네트워크 예측·예찰 시스템을 구축함으로써 근린지역 서식 야생동물들의 관리 정책 수립에 기여할 수 있습니다. 또한, 감염기전 연구 및 확산모델 연구 등을 통해 침입이 우려되는 가축 바이러스들에 대해 사전에 확산의 범위, 피해 규모를 예측함으로써 피해 절감 방안을 마련하는 데 기여할 것입니다.

6. 연구개발성과의 관리 및 활용 계획

본 연구성과를 활용하여 연구종료 이후에도 연구성과에 대한 결과물을 정리하여 국내외 학술지에 2건 게재할 계획임

< 연구개발성과 활용계획표 >

구분(정량 및 정성적 성과 항목)		연구개발 종료 후 5년 이내	
국외논문	SCIE	1	
	비SCIE		
	계	1	
국내논문	SCIE		
	비SCIE	1	
	계	1	
특허출원	국내		
	국외		
	계		
특허등록	국내		
	국외		
	계		
인력양성	학사		
	석사		
	박사		
	계		
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			

< 별첨 자료 >

중앙행정기관 요구사항	별첨 자료
1. 공통 요구자료	1) 자체평가의견서
	2) 연구성과 활용계획서
	3) 연구부정행위 예방 확인서

2. 실적증빙자료

[별첨 1]

자체평가의견서

1. 과제현황

		과제번호	122013-2		
사업구분	가축질병대응기술고도화사업				
연구분야	수의학			과제구분	단위
사업명	가축질병대응기술고도화사업			주관	
총괄과제	기재하지 않음			총괄책임자	기재하지 않음
과제명	국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구			과제유형	기초
연구개발기관	강원대학교 산학협력단			연구책임자	오연수
연구기간 연구개발비 (천원)	연차	기간	정부	민간	계
	1차년도	2022.04.01.~ 2022.12.31	416,000	0	416,000
	2차년도	2023.01.01.~ 2023.12.31	552,000	0	552,000
	계	2022.04.01.~ 2023.12.31	968,000	0	968,000
참여기업	해당 없음				
상대국	해당 없음	상대국연구개발기관	해당 없음		

※ 총 연구기간이 5차년도 이상인 경우 셀을 추가하여 작성 요망

2. 평가일 : 2024.02.29

3. 평가자(연구책임자) :

소속	직위	성명
강원대학교 산학협력단	부교수	오연수

4. 평가자(연구책임자) 확인 :

본인은 평가대상 과제에 대한 연구결과에 대하여 객관적으로 기술하였으며, 공정하게 평가하였음을 확약하며, 본 자료가 전문가 및 전문기관 평가 시에 기초자료로 활용되기를 바랍니다.

확 약	
-----	--

I. 연구개발실적

※ 다음 각 평가항목에 따라 자체평가한 등급 및 실적을 간략하게 기술(200자 이내)

1. 연구개발결과의 우수성/창의성

■ 등급 : 우수, 보통, 미흡, 극히 불량

아시아 가축-야생동물 병원성 바이러스 협력체계 구축을 위한 기반을 마련함으로써 향후 국내에 신종 병원성 바이러스 발병시 정보공유, 공동대응방안 마련 등 방역정책 과학자 자문회의 아시아 워킹 그룹로서 활용 가능합니다.

2. 연구개발결과의 파급효과

■ 등급 : 우수, 보통, 미흡, 극히 불량

축산 농장 간, 가축과 야생동물간 병원성 바이러스 확산 네트워크 예측·예찰 시스템을 구축함으로써 근린지역 서식 야생동물들의 관리 정책 수립에 기여할 수 있습니다.

3. 연구개발결과에 대한 활용가능성

■ 등급 : 우수, 보통, 미흡, 극히 불량

국제적 수준의 진단법 개발로 주요 위해 우려 병원성 바이러스의 조기 발견을 통해 축산 재난 방어를 위한 한국형 안전 축산시스템 구축 및 예찰, 역학조사, 사후관리 등이 가능한 유전체 빅데이터 기반 축산농가 서비스 지원 플랫폼으로써 확장 개발 가능합니다

4. 연구개발 수행노력의 성실도

■ 등급 : 우수, 보통, 미흡, 극히 불량

본 연구진은 보다 긴밀한 국제협력 관계를 구축하고자 국내 연구진과 함께 베트남을 방문하여 현지에서 프로젝트 논의를 진행하고 국내 연구진이 직접 채취한 샘플로부터 유전자 추출 실험을 진행하였습니다. 이를 통해 침입 우려 신, 변종 바이러스의 유입에 있어서 국제협력의 중요성을 확인하였고, ASF와 LSD의 백신 접종 전후의 샘플을 확보할 수 있었습니다.

5. 공개발표된 연구개발성과(논문, 지적소유권, 발표회 개최 등)

■ 등급 : 우수, 보통, 미흡, 극히 불량

성실한 연구수행을 통하여 연구기간 동안 특허출원1건, 특허등록1건, 기술이전1건, 논문 9건, 학술 발표 13건 등 연구목표 100%이상 달성하였습니다.

II. 연구목표 달성도

세부연구목표 (연구계획서상의 목표)	비중 (%)	달성도 (%)	자체평가
<ul style="list-style-type: none"> 국제 협력을 통한 바이러스 예찰 /특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축 	30	100	- 아시안 가축-야생동물 병원성 바이러스 협력체계 구축을 위한 기반을 마련
<ul style="list-style-type: none"> 국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명 	30	100	- 국내·외 가축 및 야생동물에서 Genomic DNA 확보
<ul style="list-style-type: none"> 신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립 	20	100	- 럽피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도 특허 등록 및 기술이전 실시
<ul style="list-style-type: none"> 침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발 	20	100	- 소의 럽피스킨병바이러스 (Lumpy skin disease virus; LSDV)의 국제적 전파 양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석
합계	100점		

III. 종합의견

1. 연구개발결과에 대한 종합의견

본 과제 수행결과 아시안 가축-야생동물 병원성 바이러스 협력체계 구축을 위한 기반을 마련함으로써 향후 국내에 신종 병원성 바이러스 발병시 정보공유, 공동대응방안 마련 등 방역정책 과학자 자문회의 아시안 네트워크 기반이 구축되었습니다. 국내·외 가축 및 야생동물에서 확보한 Genomic DNA는 바이롬(virome)분석은 물론이고 마이크로바이옴(microbiome)의 분석에도 활용함으로써 병원성바이러스와 병원성 미생물의 탐지 모두에 활용할 수 있는 등 중요한 유전자원으로서의 가치를 가지고 있습니다. **본 과제를 통하여 국제협력 체계 구축 및 축산 농장 간, 가축과 야생동물간 병원성 바이러스 확산 네트워크 예측·예찰 시스템을 구축함으로써 근린지역 서식 야생동물들의 관리 정책 수립에 기여할 것입니다.**

2. 평가시 고려할 사항 또는 요구사항

3. 연구결과의 활용방안 및 향후조치에 대한 의견

국제협력 네트워크를 견고히 하기 위해 협업 가능한 연구(국제 공동연구 등) 지원이 필요하다고 생각합니다. 본 연구에서는 가축전염병 대응을 위한 아시안 지역 협력체계 기반을 만들었는데 연구성과를 공유, 지속적 연구 및 질병관련 D/B 공유를 위한 국제 가축전염병 시스템 구축이 필요하다고 생각합니다. 본 연구과제의 성과물을 공유할 수 있는 시스템이 구축되면 시스템으로 이전을 통해 보다 원활한 자료 공유가 가능할 수 있습니다.

[별첨 1]

IV. 보안성 검토

○ 연구책임자의 보안성 검토의견, 연구개발기관 자체의 보안성 검토결과를 기재함

※ 보안성이 필요하다고 판단되는 경우 작성함.

1. 연구책임자의 의견

해당 사항 없음.

2. 연구개발기관 자체의 검토결과

해당 사항 없음.

연구성과 활용계획서

1. 연구과제 개요

사업추진형태	<input checked="" type="checkbox"/> 자유응모과제 <input type="checkbox"/> 지정공모과제		분 야	가축질병대응기술고도화지원
연구과제명	국내 침입우려 신·변종 바이러스의 선제적 대응을 위한 아세안 바이러스 유전체 분석, 데이터베이스 구축, 감염기전 및 확산모델 연구			
주관연구개발기관	강원대학교 산학협력단		주관연구책임자	오연수
연구개발비	정부지원 연구개발비	기관부담연구개발비	기타	총연구개발비
	968,000천원	0	0	968,000천원
연구개발기간	2022. 04. 01. - 2023. 12. 31.(21개월)			
주요활용유형	<input type="checkbox"/> 산업체이전 <input type="checkbox"/> 교육 및 지도 <input checked="" type="checkbox"/> 정책자료 <input type="checkbox"/> 기타() <input type="checkbox"/> 미활용 (사유:)			

2. 연구목표 대비 결과

당초목표	당초연구목표 대비 연구결과
<ul style="list-style-type: none">국제 협력을 통한 바이러스 예찰/특성 규명으로 선제적 대응 기반 구축	<ul style="list-style-type: none">- 국제협력 기반 구축을 위한 MOU 체결- 국제협력 체계 구축을 위한 국제 심포지엄 내 특별세션 운영
<ul style="list-style-type: none">국내외 가축질병 바이러스의 특성 분석에 필요한 유전정보 빅데이터 확보 및 감염 기전 연구를 통한 메커니즘 규명	<ul style="list-style-type: none">- 가축질병 바이러스 연구를 위한 국내 야생 동물 샘플 수집- 바이러스 감염 순환 구조 파악을 위한 무인센서카메라를 이용한 축사 주변 야생동물 서식 현황 모니터링을 위한 연구대상지 선정 및 연구체계 구축
<ul style="list-style-type: none">신·변종 가축질병 초기 유입·발생 시 조기 대응을 위한 국제 수준의 진단법 확립	<ul style="list-style-type: none">- 렘피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도 특허 등록 및 기술이전 실시
<ul style="list-style-type: none">침입 변종의 국내 유입시 국내 확산 예측 모델 개발	<ul style="list-style-type: none">- 소의 렘피스킨병바이러스(Lumpy skin disease virus; LSDV)의 국제적 전파 양상 및 유전 정보에 대한 공간적 유형성 분석

* 결과에 대한 의견 첨부 가능

3. 연구목표 대비 성과

(단위 : 건수, 백만원, 명)

성과 목표	사업화지표											연구기반지표									
	지식 재산권				기술 실시 (이전)		사업화					기술 인증	학술성과				교육 지도	인력 양성	정책 활용· 홍보		기타 (타연구 활용등)
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	S M A R T	건 수	기술 료	제 품 화	매 출 액	수 출 액	고 용 창 출	투 자 유 치		논문		학 술 발 표	정 책 활 용			홍 보 전 시		
													SCI	비 SCI						논 문 평 관 I F	
단위	건	건	건	평 년 건 수	건	백 만 원	건	백 만 원	백 만 원	명	백 만 원	건	건		건	명	건	건			
가중치	10													40	30	20					
최종 목표	1											3	3	5	2	1					
당해 년도	목표	1	1		1	10						5	4	13	2	1					
	실적																				
달성률 (%)	100	초과 달성			초과 달성	초과 달성						167	133	260	100	100					

4. 핵심기술

구분	핵심기술명
①	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도
②	
③	

5. 연구결과별 기술적 수준

구분	핵심기술 수준					기술의 활용유형(복수표기 가능)				
	세계 최초	국내 최초	외국기술 복 제	외국기술 소화·흡수	외국기술 개선·개량	특허 출원	산업체이전 (상품화)	현장애로 해 결	정책 자료	기타
①의 기술		v				v	v		v	
②의 기술										
③의 기술										

* 각 해당란에 v 표시

6. 각 연구결과별 구체적 활용계획

핵심기술명	핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과
①의 기술	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물을 이용하면 럼피스킨병 바이러스를 신속 정확하게 검출할 수 있으므로, 럼피스킨병 바이러스의 국내 확산을 효과적으로 방지할 수 있을 것임
②의 기술	
③의 기술	

7. 연구종료 후 성과창출 계획

(단위 : 건수, 백만원, 명)

성과 목표	사업화지표											연구기반지표								
	지식 재산권				기술 실시 (이전)		사업화					기술 인증	학술성과			교육 지도	인력 양성	정책 활용·홍보		기타 (타연구활용등)
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	S M A R T	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용 창출	투자유치		논문		학술 발표			정책 활용	홍보 전시	
													SCI	비SCI						
단위	건	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	건	건			
가중치	10													40	30	20				
최종목표	1											3	3	5	2	1				
연구기간내 달성실적	1	1			1	10						5	4	13	1	1				
연구종료후 성과창출 계획												1	1							

8. 연구결과의 기술이전조건(산업체이전 및 상품화연구결과에 한함)

핵심기술명 ¹⁾	럼피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도		
이전형태	<input type="checkbox"/> 무상 <input checked="" type="checkbox"/> 유상	기술료 예정액	10,000천원
이전방식 ²⁾	<input checked="" type="checkbox"/> 소유권이전 <input type="checkbox"/> 전용실시권 <input type="checkbox"/> 통상실시권 <input type="checkbox"/> 협의결정 <input type="checkbox"/> 기타()		
이전소요기간	1개월	실용화예상시기 ³⁾	2024
기술이전시 선행조건 ⁴⁾	-		

1) 핵심기술이 2개 이상일 경우에는 각 핵심기술별로 위의 표를 별도로 작성

2) 전용실시 : 특허권자가 그 발명에 대해 기간·장소 및 내용을 제한하여 다른 1인에게 독점적으로 허락한 권리

통상실시 : 특허권자가 그 발명에 대해 기간·장소 및 내용을 제한하여 제3자에게 중복적으로 허락한 권리

- 3) 실용화예상시기 : 상품화인 경우 상품의 최초 출시 시기, 공정개선인 경우 공정개선 완료시기 등
- 4) 기술 이전 시 선행요건 : 기술실시계약을 체결하기 위한 제반 사전협의사항(기술지도, 설비 및 장비 등 기술이전 전에 실시기업에서 갖추어야 할 조건을 기재)

연구진실성 관련 연구부정행위 예방을 위한 확인서

※ 주관·공동·위탁과제별로 연구책임자가 자체 점검 후 작성·제출

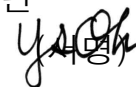
구분	번호	내용	예	아니오
위조	1	연구 수행 전과정에서 존재하지 않는 데이터 또는 결과 등을 거짓으로 만들거나 기록한 사실이 없는가?	Y	
	2	연구수행 과정에서 데이터 또는 결과 등을 임의적으로 사실과 다르게 변형, 삭제, 왜곡하여 기록한 사실이 없는가?	Y	
표절	3	이미 발표된 타인의 독창적인 아이디어나 연구성과물을 활용하면서 출처를 정확하게 표기하였는가?	Y	
	4	일반적 지식이 아닌 타인의 독창적인 개념, 용어, 문장, 표현, 그림, 표, 사진, 영상, 데이터 등을 활용하면서 출처를 정확하게 표기하였는가?	Y	
	5	타인의 연구성과물을 그대로 쓰지 않고 풀어쓰기(paraphrasing) 또는 요약(summarizing)을 하면서 출처를 정확하게 표기하였는가?	Y	
	6	외국어 논문이나 저서를 번역하여 활용하면서 출처를 정확하게 표기하였는가?	Y	
	7	2차 문헌을 활용하면서 재인용 표기를 하지 않고 직접 원문을 본 것처럼 1차 문헌에 대해서만 출처를 표기한 적이 없는가?	Y	
	8	출처 표기를 제대로 했으나, 인용된 양 또는 질이 해당 학문 분야에서 인정하는 범위 이내 라고 확신할 수 있는가?	Y	
	9	타인의 저작물을 여러 번 인용한 경우 모든 인용 부분들에 대해 정확하게 출처를 표기하였는가?	Y	
	10	타인의 저작물을 직접 인용 할 경우, 적절한 인용 표기를 했는가?	Y	
부당한 저자 표기	11	연구에 지적 기여를 한 연구자에게 저자의 자격을 부여하였는가?	Y	
	12	연구에 지적 기여를 하지 않은 연구자에게는 저자의 자격을 제외하였는가?	Y	
	13	저자들의 표기 순서와 연구 기여도가 일치하는가?	Y	
부당한 중복 게재	14	자신의 이전 저작물을 활용하면서 적절한 출처 표기를 하였는가?	Y	
	15	자신의 이전 저작물을 여러 번 활용하면서 모든 인용 부분들에 대해 정확하게 출처 표기를 하였는가?	Y	
	16	자신의 이전 저작물을 활용하면서 출처 표기를 제대로 했으나 인용된 양 또는 질이 해당 학문 분야에서 인정하는 범위 이내 라고 확신할 수 있는가?	Y	

점검결과를 위와 같이 연구윤리 위반 사항이 없음을 확인하며, 위반사실이 확인될 경우 「국가연구개발혁신법」 제32조1항에 따라 참여제한, 연구비 환수 등 처분을 받게 됨을 인지하고 아래와 같이 서명합니다.

2024.02.29.

기관명 : 강원대학교 산학협력단

점검자 : 오 연 수



농림식품기술기획평가원장 귀하

별첨 4 성과 증빙 자료

1) 특허출원 및 등록

<p style="text-align: center;">관인생략</p> <p style="text-align: center;">출원 번호 통지서</p> <p>출원일자 2022.12.29 출원번호 10-2022-0188478 (접수번호 1-1-2022-1417307-56) (KAS입금코드2707) 출원인명칭 강원대학교산학협력단(2-2004-008857-1) 대리인성명 최규원(9-2005-001504-0) 발명자성명 임상진 박영철 오연수 발명의명칭 험피스킨병 바이러스 검출용 마커 조성물 및 이의 용도</p> <p style="text-align: center; font-size: 1.2em;">특 허 청 장</p> <p style="text-align: center;"><< 안내 >></p> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; font-size: 0.8em;"> <p>1. 귀하의 출원권 위와 같이 정식적으로 접수되었으며, 이후의 심사 진행사항은 출원번호를 이용하여 특허포털사이트(www.patent.go.kr)에서 확인하실 수 있습니다.</p> <p>2. 출원에 따른 수수료는 접수일로부터 14일분까지 통행된 납입영수증에 상응, 납부자번호 등을 기재하여 가까운 은행 또는 무체국에 납부하여야 합니다.</p> <p>3. 귀하의 주소, 연락처 등의 변경사항이 있을 경우, 즉시 (특허고려번호 정보변경(강정) 정정신청서)를 제출하여야 하며, 출원 이후 각종 통지서를 정상적으로 받을 수 있습니다.</p> <p>4. 관련 심사 절차(제도)에 관한 사항은 특허청 홈페이지를 참고하시거나 특허고객상담센터(☎ 1544-8083)에 문의하여 주시기 바랍니다.</p> <p>*위 웹사이트 안내: https://www.kipo.go.kr</p> </div>	
특허출원	특허등록

2) 기술실시

<p style="text-align: center;">특허권 양도 계약서</p> <p>발명권자인 송재현(이하 '양도인')은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제1조 (목적) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제2조 (특허권) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제3조 (양도대금) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제4조 (기타사항) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p>	<p>본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 송재현(이하 '양도인')은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제5조 (양도대금) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제6조 (기타사항) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제7조 (양도대금) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제8조 (기타사항) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p>	<p>본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 송재현(이하 '양도인')은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제9조 (양도대금) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제10조 (기타사항) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제11조 (양도대금) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p> <p>제12조 (기타사항) 양도인은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다. 양도인인 송재현은 본 계약의 대상인 '특허권'을 양도인인 강원대학교 산학협력단(이하 '수용인')에게 양도한다.</p>
특허권 양도 계약서		

3) 논문

(1) SCI 논문-1

viruses MDPI

Communication

A Vaccine Based on Asia1 Shamir of the Foot-and-Mouth Disease Virus Offers Low Levels of Protection to Pigs against Asia1/MOG/05, Circulating in East Asia

Hyeyon Kim ^{1,2,†}, Hwi Won Seo ^{3,†}, Ho-Seong Cho ^{4,*} and Yeonsoh Oh ^{5,†}

Abstract: Foot-and-mouth disease (FMD) is one of the most contagious diseases in cloven hoof animals. Vaccination can prevent or control FMD, and vaccine antigens should be matched against circulating viruses. According to phylogenetic analyses, field isolates in this region belonged to genotype V and showed low genetic similarity with the Asia1 Shamir vaccine, the OIE-recommended vaccine strain. In this study, we investigated whether pigs vaccinated with the Asia1 Shamir vaccine could be protected from challenges with the Asia1/MOG/05 virus, one of the genotype V field isolates. Eight pigs were divided into either vaccinated or unvaccinated control groups. After two vaccinations with Asia1 Shamir, both groups of pigs were challenged with the Asia1/MOG/05 field isolate at 2 weeks after the second vaccination. In the control group, symptoms appeared at 2 days post-infection (dpi). The clinical signs peaked at 4 dpi, and this coincided with virus shedding through nasal discharge. Neutralizing antibody titres peaked at 17 dpi. In the vaccinated group, clinical signs were delayed compared with the control group, and the highest score was shown at 10 dpi accompanied with virus nasal shedding, which peaked at 11 dpi. Neutralizing antibodies were induced 2 weeks after the second vaccination and peaked at 17 dpi. In conclusion, Asia1 Shamir vaccination in pigs provided partial protection from Asia1/MOG/05 virus infection.

Keywords: foot-and-mouth disease; Asia1; FMD vaccine; viral infection

1. Introduction

Foot-and-mouth disease (FMD) is one of the most contagious diseases in cloven hoof animals, which is caused by the foot-and-mouth disease virus (FMDV) of the Aphthovirus genus and the Picornaviridae family [1]. FMDV has a wide host range, an ability to infect in small doses, a rapid rate of replication, a high level of viral excretion, and multiple modes of transmission including being able to be spread by the wind. These features make FMD a difficult and expensive disease to control and eradicate [2]. The FMDV is classified into seven serotypes, each has its own topotypes, and immunity after vaccination or after infection is type-specific [3]. Recovery from infection or protective vaccination with one serotype is known to not protect against subsequent infection with another. Moreover, within a serotype, a wide range of strains may occur; the immunity provided against field strains of the virus that are antigenically different from the vaccine will even reduce the efficacy of the existing vaccines [4]. The Asia1 serotype only occurs in Asia and has only one regional type—ASIA. It is subdivided into genetic group (G)-I to G-IX [5]. After the

Viruses 2022, 14, 1726. <https://doi.org/10.3390/v14101726> <https://www.mdpi.com/journal/viruses>

(2) SCI 논문-2

vet MDPI

Article

Climate Change Influences the Spread of African Swine Fever Virus

Shradha Tiwari ^{1,†}, Thakur Dhakal ^{2,†}, Tae-Su Kim ^{2,†}, Do-Hun Lee ^{3,†}, Gab-Sue Jang ^{2,†} and Yeonsoh Oh ^{1,*,†}

Abstract: Climate change is an inevitable and urgent issue in the current world. African swine fever virus (ASFV) is a re-emerging viral animal disease. This study investigates the quantitative association between climate change and the potential spread of ASFV to a global extent. ASFV in wild boar outbreak locations recorded from 1 January 2019 to 29 July 2022 were sampled and investigated using the ecological distribution tool, the Maxent model, with WorldClim bioclimatic data as the predictor variables. The future impacts of climate change on ASFV distribution were scoped with Representative Concentration Pathways (RCP) scenarios for 2050 and 2070. The results show that the precipitation of the driest month (Bio14) and annual mean temperature (Bio1) were contributable factors and indicate a higher possibility of spreading ASFV in the future. The Maxent model was best fitted with an area under curve (AUC) value of 0.99. The proposed Maxent model and the results of this study can be potentially applied to predict disease risks associated with climate change and provide guidance for prevention management.

Keywords: ASFV; Maxent; wildlife; disease; management

1. Introduction

Monitoring, modelling, and managing (3Ms) are the pillars for understanding specific contexts, challenges, and bottlenecks in epidemiology [1]. African swine fever virus (ASFV) is a re-emerging viral animal disease [2] that is a large double-stranded DNA virus in the Asfarviridae family and the causative agent of African swine fever (ASF) with high mortality (100%) in pigs [3]. Outbreaks of ASFV have been continuously mentioned and analyzed with different modelling approaches and management strategies [4,5]. Since there is no effective vaccine or treatment, vector control and preventive measures are currently the only options for mitigating ASFV outbreaks [6]. Climate change generates

Observing the current occurrence locations, future distributions can be predicted using data-driven models [36,54]. Based on the available two-period bioclimatic data of different RCP pathways by 2050 and 2070 and data-driven maxent estimations, a higher risk of ASFV was observed with climate change.

This study illustrates climate change in the spread of ASFV with bioclimatic scenarios and the Maxent model; however, there are significant limitations. The impact of climate change on ASFV is complex, and outbreak locations could be driven by multiple factors that make general predictions impossible. The spread of disease is influenced by various factors such as movement behaviour, the habitat and population density of reservoir and novel host populations [67], climate and land use changes [70], and anthropogenic factors [71], but the current study only examined the climatic covariates. Detailed studies considering disease-driving factors, including domestic pig cases, would present better output. In the future, more variables with heterogeneous effects on ASFV distribution could be analyzed. The economic value of one health approach impacting disease spread [72] also needs research to control climate change and disease as ASFV diffusion. The current study used the Maxent model to investigate the effect of climatic change; comparison, validation with ensemble models [73], and hybrid data-driven-mechanistic models [1,74] could be the better-represented model that warrants further investigation. The changes in bioclimatic variable data influenced entropy values, and the study advocated that climate change influences the spread of ASFV; further investigation and validation must be undertaken.

5. Conclusions

In this study, we analyzed the ASFV in wild boar outbreak locations to fit the Maxent model with ten bioclimatic variables after removing nine variables that created the collinearity problems and examined the possible impact of climatic variables for 2050 and 2070 with multiple RCP scenarios. The results show climatic changes are influencing the spread of ASFV, and the future climate is favourable for ASFV spread; only quantitative ratios are different. Based on the observed model with climatic variables, the spread of wild disease ASFV is directly associated with climate changes. There is no vaccine to eradicate ASFV, so improving biosafety measures is currently the best option to prevent ASFV [75,76]. We have emphasized the importance of ASFV control management in conjunction with climate change. Mitigation of climate change supporting the WHO sustainability goal 13 (Climate action) [77] is to be strictly implemented to control the risk of ASFV. WHO and OIE have recommended operational strategies for maintaining essential human and animal health services that must be assessed and reported [78]. The implication of distribution model prediction can be a supportive tool to deal with the future distribution of wildlife diseases like ASFV. The current study could be a reference to global health concerns.

Author Contributions: Conceptualization, S.T., G.-S.J. and Y.O.; Data curation, T.-S.K. and D.-H.L.; Formal analysis, S.T. and T.D.; Investigation, D.-H.L. and G.-S.J.; Methodology, T.D. and D.-H.L.; Project administration, S.T., G.-S.J. and Y.O.; Resources, S.T., T.-S.K., D.-H.L., G.-S.J. and Y.O.; Software, S.T. and T.D.; Supervision, G.-S.J. and Y.O.; Validation, G.-S.J. and Y.O.; Visualization, G.-S.J. and Y.O.; Writing—original draft, S.T., T.D., T.-S.K. and D.-H.L.; Writing—review & editing, S.T., T.D., T.-S.K. and D.-H.L.

Funding: This work was supported by the Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through the Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by the Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2), and by Yeungnam University research grant, 2019.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The data presented in this study are available from the corresponding author upon request.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

Vir. Sci. 2022, 9, 406. <https://doi.org/10.3390/vetsci9110406> <https://www.mdpi.com/journal/vetsci>

(3) SCI 논문-3

PLOS ONE

RESEARCH ARTICLE

Spatial proliferation of African swine fever virus in South Korea

Shradha Tiwari^{1*}, Thakur Dhakal^{1*}, Ishwari Tiwari¹, Gab-Sue Jang^{2*}, Yeonsu Oh^{3*}

1 Department of Veterinary Pathology, College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon, Republic of Korea, **2** Department of Life Science, Yeungnam University, Gyongsangbuk, Republic of South Korea, **3** Department of Anatomy, Physiology and Biochemistry, Agriculture and Forestry University, Chitwan, Nepal

* These authors contributed equally to this work.
* stiwari@knu.ac.kr (SSJ); research@kangwon.ac.kr (YO)

Check for updates

OPEN ACCESS

Citation: Tiwari S, Dhakal T, Tiwari I, Jang G-S, Oh Y (2022) Spatial proliferation of African swine fever virus in South Korea. *PLoS ONE* 17(11): e0277381. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0277381>

Editor: Anshuman Mishra, Institute of Advanced Materials, SAM, SWEDEN

Received: June 25, 2022

Accepted: October 25, 2022

Published: November 7, 2022

Copyright: © 2022 Tiwari et al. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability Statement: All raw data are available on pigpeople.net database. We have extracted the data from <http://www.pigpeople.net/> (<https://doi.org/10.26434/chemrxiv-2022-7962>)

Funding: This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA)/Project No. 122013-2), and by 2019 Yeungnam University research grant.

Introduction

African swine fever virus (ASFV) has been categorized as the most severe animal disease (with a mortality of approx. 100% in domestic pigs) that the world has faced in a long time [1]. ASFV was first recorded in Kenya in 1921 [2], and it has been spreading throughout Europe and Asia since its first report in Georgia in 2007 [3, 4]. In South Korea, the first ASFV case was recorded on September 16th, 2019 [5], and approximately 2632 cases (21 on domestic pig farms and 2611 in wild boars) were reported between October 9th, 2019, and May 20th, 2022 [6, 7]. Globally, ASFV poses a significant threat to the swine industry, owing to its epidemiological behavior and current spread in both wild boar and domestic pig populations [8]. To control the spread of ASFV, eradication programs, based on the rapid diagnosis, disposal, and slaughter of all animals in an infection zone, thorough cleaning and disinfection, surveillance, desensitization, and movement control measures, should be applied [9, 10]. Ecologists have suggested that wild boar [11], wolves [12], ticks [13], synanthropic birds [14], feed houses [14],

PLOS ONE | <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0277381> November 7, 2022 1/11

(4) SCI 논문-4

animals **MDPI** *Animals* 2023, 13, 2148 21 of 26

Predicting Suitable Areas for African Swine Fever Outbreaks in Wild Boars in South Korea and Their Implications for Managing High-Risk Pig Farms

Ju Hui Choi ¹, Hun Namgung ², Sang Jin Lim ¹, Eui Kyeong Kim ², Yeonsu Oh ³ and Yung Chul Park ^{1,*}

Abstract: African swine fever (ASF) is a highly contagious disease affecting domestic pigs and wild boars, with no effective vaccine or treatment available. In South Korea, extensive measures have been implemented to prevent ASF transmission between wild boars and ASF spillover from wild boars to pig farm sectors, including the search for ASF-infected carcasses in mountainous forests and the installation of fences across wide areas of these forests. To determine the priority search range for infected carcasses and establish pig farm centered quarantine measures, it is necessary to predict the specific path of ASF outbreaks in wild boars and identify pig farms at high risk of ASF spillover from wild boars. Here, we aimed to predict suitable areas and geographical paths for ASF outbreaks in wild boars using the MaxEnt model and shortest-path betweenness centrality analysis. The analysis identified a high frequency of ASF outbreaks in areas with a suitability value ≥ 0.4 on the suitability map and in areas within a 1.8 km range from the path on the shortest-path map, indicating these areas were high-risk zones for ASF outbreaks. Among the 5063 pig farms analyzed, 37 were in the high-risk zone on the suitability map, 499 were in the high-risk zone on the shortest-path map, and 9 were in both risk zones. Of the 51 pig farm sectors with a dense distribution of pig farms (kernel density ≥ 8), 25 sectors were in contact with or partially overlapped the high risk zone on the suitability map, 18 sectors were located within the high risk zone on the shortest-path map, and 14 sectors were located within both risk zones. These findings aided in determining the priority range for searches for wild boar carcasses and enabled the establishment of preemptive ASF prevention measures around the pig farming sectors that are at risk of ASF spillover from wild boars.

Keywords: wild boar; carcass; African swine fever; ASF; MaxEnt; Shortest path betweenness centrality

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/ani13132148/s1>; Figure S1: Geographical distribution of the Korean mountain ranges comprising the Baekdudaegan Mountain Range (Baekdugaegan), an elongated ridge that runs from Mt. Baekdu-san in North Korea to Jirisan National Park in South Korea, and the raine mountain ranges (Jeongnunsan) that branch off from the Baekdudaegan [10]; Civilian Control Line (CCL), which, located 10 km south along the Military Demarcation Line (MDL), is intended to control citizen access. The area between MDL and CCL is called the Civilian Control Area (CCA); Figure S2: Map for each environmental variable; Figure S3: Area Under the ROC Curve (AUC) value, which is calculated from the area under the Receiver Operating Characteristic Curve obtained through 10 bootstrap replicates; Figure S4: Geographical distribution of 37 individual pig farms located in an area with a suitability value of 0.4 or higher; Figure S5: Geographical distribution of 499 pig farms within a 1.8-km range of the shortest-path; Table S1: Standardized protocol of the SDM process, following the ODMAP v1 [7]; Table S2: Relative importance of variables used in the MaxEnt model.

Author Contributions: Conceptualization, J.H.C. and Y.C.P.; methodology, J.H.C. and H.N.; investigation, J.H.C. and H.N.; data analysis, J.H.C. and H.N.; writing—original draft preparation, J.H.C. and Y.C.P.; writing—review and editing, J.H.C., H.N., S.J.L., E.K.K., Y.O. and Y.C.P.; visualization, J.H.C.; project administration, Y.O. and Y.C.P. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2) and Korean National Park Research Institute.

check for updates

Citation: Choi, J.H.; Namgung, H.; Lim, S.J.; Kim, E.K.; Oh, Y.; Park, Y.C. Predicting Suitable Areas for African Swine Fever Outbreaks in Wild Boars in South Korea and Their Implications for Managing High-Risk Pig Farms. *Animals* 2023, 13, 2148. <https://doi.org/10.3390/ani13132148>

Academic Editors: Riccardo Onusa and Annalisa Viani

Received: 7 May 2023
Revised: 21 June 2023
Accepted: 26 June 2023
Published: 29 June 2023

Copyright: © 2023 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Animals 2023, 13, 2148. <https://doi.org/10.3390/ani13132148> <https://www.mdpi.com/journal/animals>

(5) 비SCI 논문-1

KJVS Korean Journal of Veterinary Science

https://doi.org/10.7853/kjvs.2022.45.4.253
pISSN: 1225-6552 eISSN: 2287-7620
Korean J Vet Serv 2022;45(4):253-262

ORIGINAL ARTICLE

Bibliographic and network analysis of environmental impacts to animal contagious diseases

Jee-Sun Oh¹, Sang-Joon Lee², Sang Jin Lim³, Yung Chul Park³, Ho-Seong Cho⁴, Yeonsu Oh^{4*}

¹School of Business and Technology Management, Korea Advanced Institute of Science and Technology, Daejeon 34141, Korea
²College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea
³College of Forest & Environmental Sciences and Institute of Forest Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea
⁴College of Veterinary Medicine and Bio-safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Received September 9, 2022
Revised November 2, 2022
Accepted December 1, 2022

Corresponding author:
Yeonsu Oh
E-mail: yeonsoh@kangwon.ac.kr
https://orcid.org/0000-0001-5743-5396

Ho-Seong Cho
E-mail: hschol@jnu.ac.kr
https://orcid.org/0000-0001-7443-167X

*These first two authors contributed equally to this work.

The applications of artificial intelligence (AI) can provide useful solutions to animal infectious diseases and their impact on humans. The advent of AI learning algorithms and recognition technologies is especially advantageous in applied studies, including the detection, analysis, impact assessment, simulation, and prediction of environmental impacts on malignant animal epidemics. To this end, this study specifically focused on environmental pollution and animal diseases. While the number of related studies is rapidly increasing, the research trends, evolution, and collaboration in this field are not yet well-established. We analyzed the bibliographic data of 1191 articles on AI applications in environmental pollution and animal diseases during the period of 2000–2019; these articles were collected from the Web of Science (WoS). The results revealed that FR China and the United States are the leaders in research production, impact, and collaboration. Finally, we provided research directions and practical implications for the incorporation of AI applications to address environmental impacts on animal diseases.

Key Words: Animal contagious diseases, Artificial intelligence, Bibliometric analysis, Environmental impact, Intellectual structure

INTRODUCTION

Outbreaks of diseases that jump from animals to humans have increased fears of another pandemic. While such zoonoses have been around for millennia, they have become more common in recent decades due to damage to the environment, such as deforestation, mass livestock cultivation, climate change, and other human-induced upheavals of the animal world. Given this situation, it is necessary to clarify the direction of research in this area around the world (Oh et al., 2021; Zhou et al., 2022). Advancements in the field of artificial intelligence (AI) are expected to provide optimal solutions to various social problems (Gath et al., 2018; Tomashev et al., 2020). The growth of AI had been stagnant since the 1950s; however, a significant leap forward occurred when machine learning addressed the technical limitations of the existing expert systems and neural networks in the mid-2000s, ushering in a new golden era (Haeflens and Kaplan, 2019).

The utilization of AI in the field of environmental damage and animal diseases continues to increase, thereby expanding its application area and scope to related domains such as water waste, air pollution, solid waste, and animal diseases (Fan et al., 2018; Mo et al., 2019; Abdallah et al., 2020; Ye et al., 2020). AI technologies are widely used in environmental damage monitoring and prediction, damage source simulation and analysis, and intelligent damage control (Ye et al., 2020). Although this technology has emerged as an effective countermeasure against environmental damage, systematic analysis of the research flows and themes,

Copyright © The Korean Society of Veterinary Science
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

253

machine learning, and deep learning, but also for various other learning and neural network techniques, such as self-organizing maps and support vector machines. However, in the field of environmental pollution, the application of AI has focused mainly on air pollution, rather than on soil or water pollution, and therefore, the scope must be expanded to include both soil and water pollution. This will also lead to an increase in the thematic diversity.

The last step of such environmental pollution is climate change, and the factor that has the greatest influence on the climate change is air pollution (Seinfeld et al., 1998; D'Amato et al., 2014). As can be seen from our result, air pollution occupies the highest proportion of the keywords in environmental pollution-related papers. Environmental pollution or climate change has caused a dramatic shift in the ecosystem. It is apparent that this environmental shift has prompted the migrations of reservoirs or vectors which can be important factors for animal pathogen transmission, and made each animals vulnerable to pathogen exposure (Patz et al., 2003; Altizer et al., 2011; Losacco et al., 2018). This pattern is the most common phenomenon of emerging infectious diseases from animals that have recently appeared, and it has been discussed that this trend will gradually accelerate.

Therefore, follow-up studies should consider performing bibliometric and network analysis of the application of AI in various field of environmental science; in particular, environmental pollution. The analysis results could then be compared, based on which insights and new research directions can be developed to enhance the use of AI across various fields. Furthermore, comparative studies between the major countries/territories are also needed. In particular, comparing the research topics of major countries/territories is also expected to be highly useful for promoting research cooperation at the global level.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by the Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET), through the Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by the Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

CONFLICT OF INTEREST

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

ORCID

Jee-Sun Oh, <https://orcid.org/0000-0002-3477-0711>
Sang-Joon Lee, <https://orcid.org/0000-0002-2498-8397>
Sang Jin Lim, <https://orcid.org/0000-0001-9108-3048>
Yung Chul Park, <https://orcid.org/0000-0002-5466-2339>
Ho-Seong Cho, <https://orcid.org/0000-0001-7443-167X>
Yeonsu Oh, <https://orcid.org/0000-0001-5743-5396>

REFERENCES

Abdallah M, Talib MA, Feroz S, Nasir Q, Abdalla H, Mahfoud B. 2020. Artificial intelligence applications in solid waste management: a systematic research review. *Waste Management* 109: 231-246.

Altizer S, Bartel R, Han BA. 2011. Animal migration and infectious disease risk. *Science* 331: 296-302.

Andrade DF, Romanelli JF, Pereira-Filho FR. 2019. Past and emerging topics related to electronic waste management: top countries, trends, and perspectives. *Environmental Science and Pollution Research* 26: 17135-17151.

Bean, R. 2017. How big data is empowering ai and machine learning at scale. MIT sloan management review. <https://sloanreview.mit.edu/article/how-big-data-is-empowering-ai-and-machine-learning-at-scale/>

260

(6) 비SCI 논문-2

KJVS Korean Journal of Veterinary Science

https://doi.org/10.7853/kjvs.2022.45.4.331
pISSN: 1225-6552 eISSN: 2287-7620
Korean J Vet Serv 2022;45(4):331-335

CASE REPORT

Gizzard impaction and duodenal perforation in a yellow-billed spoonbill (*Platalea leucorodia*)

Ho-Seong Cho¹, Yeonsu Oh^{2*}

¹Laboratory of Swine Diseases, College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea
²Department of Veterinary Pathology, College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

Received December 5, 2022
Accepted December 8, 2022

Corresponding author:
Yeonsu Oh
E-mail: yeonsoh@kangwon.ac.kr
https://orcid.org/0000-0001-5743-5396

A yellow-billed spoonbill kept at the zoo was found dead. As a result of the necropsy, the stomach (gizzard and proventriculus) and duodenum were full of undigested fish bones, and the undigested sharp fish bones were lodged in the gastric mucosa and clumped together, blocking the lumen. Therefore, the intestinal wall was perforated and peritonitis occurred causing death. The cause of the fish spines becoming lodged in the gastrointestinal tract is unknown. It can only be assumed that there was a lack of a mechanism for the yellow-billed spoonbill in a zoo to go around and pick up grit or small stones and assist in mechanical crushing in the gizzard.

Key Words: Gizzard impaction, Intestinal perforation, Yellow-billed spoonbill, Zoo

INTRODUCTION

In birds, natural, healthy regurgitation and forceful, violent vomiting is at first unable to spot the difference because all birds have a natural, gentle form of food expulsion that mirrors how a bird would feed its mate and offspring in the wild. Birds' regurgitation is of no cause for concern. Vomiting in birds, however, is worrisome, and could be a sign of something more serious (Tully Jr., 2018). It is a violent, messy sight, and discharge may wind up spattered around the cage and on the bird. Such a forceful ejection of material or food may indicate an infection, liver or kidney disease or possibly, a serious condition called a "blocked gizzard"; a blocked gizzard is a life-threatening condition that requires immediate veterinary care and treatment. With fast treatment, birds may overcome this dangerous condition. If the condition is prolonged, however, the outcome is typically poor. A blocked gizzard (the second chamber of the stomach) in birds is a life-threatening condition that occurs when a buildup of materials or a foreign body becomes lodged in the gizzard (Reisigl and Robles, 2001; Han et al., 2009).

Symptoms of blocked gizzard in birds include vomiting, increased thirst, fluffed-up appearance, loss of appetite, and depression. Stomach ache causes the bird to lean forward on the perch, and droppings are clear and/or white due to no fecal component. Finally, those birds die.

A blocked gizzard may be caused when a bird consumes a foreign object, such as a piece of wire, rope fiber, a particle from a toy, paper, among others (Schlegel and Brash, 2015). Birds may chew on such objects due to playful behavior, inquisitiveness, boredom, or sexual frustration. The bird may also be seeking to fill a mineral deficiency, average hunger, avoid contaminated food or equalize any dietary irregularities (Samour, 2015). For some reason, wet weather sends many birds in search of soil, potting soil, sand, or any kind of gritty substances. They will scavenge for these materials in excess, which

Copyright © The Korean Society of Veterinary Science
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

331

The provision of grit can significantly aid the functioning of the gizzard. Although most free-ranging hens will pick up small stones and grit, the provision of a supplementary source will be required for birds that are reluctant rangers, or in situations where the soil is lacking stones. Our bird was kept in a zoo and spent most of time on cement floors with no opportunity to pick up small rocks or other hard materials (Christensen, 1998; Huang et al., 2019). It is highly likely that these breeding conditions were not suitable for the normal digestive process of the bird to occur; the toothless bird species swallowed food such as fish with its beak, stored it for a while in the crop, mixed with hard materials such as pre-swallowed stones in the gizzard, ground with muscle force, and then moves to the proventriculus to meet digestive enzymes (Allardcyce et al., 2015).

There is little veterinary guidance on the treatment of impaction of poultry. One report said that treatment with 3 g of Epsom salts per 100 birds per day plus 10–15 ml of liquid molasses per bird fed as a wet mash for four days. Further energy and lubrication can be provided by the addition of vegetable oil (Christensen, 1998). However, this method is obviously a way to ensure that the grass plug produced by ingesting long grass in poultry can easily pass through the gastrointestinal tract, and it far from the treatment applicable to wild birds that consume fish or small amphibian reptiles with bones. Grit might be one of options to help prevent impactions for those birds, although grit has been found to aid only in the breakdown of grass that is already in small or marrow pieces. Natural grit may not be beneficial to help break down consumed materials and not easy for zoo birds to find. Rough in texture and small to have the highest surface area to volume ratio and must be supplemented in enough quantity to allow for an adequate grit to food ratio in the gizzard (Huang et al., 2019). At least for wild birds maintained in zoos, prevention should be prioritized over treatment, so it seems that further consideration should be given to the breeding condition in the future.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

CONFLICT OF INTEREST

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

ORCID

Ho-Seong Cho, <https://orcid.org/0000-0001-7443-167X>
Yeonsu Oh, <https://orcid.org/0000-0001-5743-5396>

REFERENCES

Allardcyce BJ, Linton SM. 2010. Functional morphology of the gastric mills of carnivorous, omnivorous, and herbivorous land crabs. *J Morphol* 271: 61-72.

Christensen N. 1998. Alleviation of grass impaction in a flock of free-range hens. *Vet Rec* 143: 397.

De Francisco N, Ruiz Troya JD, Agüera EI. 2005. Lead and lead toxicity in domestic and free living birds. *Avian Pathol* 32: 3-13.

Dunislawska A, Pietrzak E, Beldowska A, Siwek M. 2022. Health in poultry-immunity and microbiome with regard to a concept of one health. *Physical Science Reviews*. <https://doi.org/10.1515/psr-2021-0124>

Fowler ME. 1991. Comparative clinical anatomy of raptors. *J Zoo Wildl Med* 22: 204-227.

Han JI, Son HW, Mo IP, Chang DW, Kim SK, Park SR, Na KJ. 2009. Gizzard impaction with bile stasis in captive oriental white storks (*Ciconia boyciana*). *J Vet Clin* 26: 659-662.

Huang AS, Carvalho FR, Piesky ME, Soute S, Mete A. 2019. Gastrointestinal impactions in backyard

334

(7) 비SCI 논문-3

Original Article

ISSN 1598-298X • e-ISSN 2384-0799
J Vet Clin (2023) 40:25-30
https://doi.org/10.17055/jvc.2023.40.1.25

Check for updates

Comparison of Ventral Midline and Right Flank Approaches of Ovariohysterectomy in Bitches

Ishwor Dhakal^{1,2}
Bharata Regmi^{1,3}
Bablu Thakur⁴
Ishwari Tiwari⁵
Shradha Tiwari⁶
Yeonsu Oh⁷
Manoj K. Shah^{1*}

¹Department of Surgery and Pharmacology, FAW, Agriculture and Forestry University, Chitwan 44200, Nepal
²Military Canine Breeding Center, Bhaktapur 44600, Nepal
³Veterinary Hospital and Expert Center, Pokhara 33700, Nepal
⁴Veterinary Hospital and Expert Center, Nuwakot 44900, Nepal
⁵College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

*Correspondence: mshah@afu.edu.np (Manoj K. Shah), yeonsoh@kangwon.ac.kr (Yeonsu Oh)

ORCID

Ishwor Dhakal
https://orcid.org/0000-0001-7222-1556
Bharata Regmi
https://orcid.org/0000-0001-5929-7580
Bablu Thakur
https://orcid.org/0000-0001-7965-8865
Ishwari Tiwari
https://orcid.org/0000-0903-0903-6782
Shradha Tiwari
https://orcid.org/0000-0001-5001-3844
Yeonsu Oh
https://orcid.org/0000-0001-5743-5396
Manoj K. Shah
https://orcid.org/0000-0002-8233-0554

Copyright © The Korean Society of Veterinary Clinicians

Abstract The ventral midline approach (VMA) and right flank approach (RFA) are common procedures for the sterilization of bitches. This study compared the different parameters viz. total duration of surgery, recovery time, and length of the incision as well as body temperature, heart rate, respiration rate, and SpO2 in each approach. Twenty (20) bitches were divided randomly for the RFA and VMA. Meloxicam (0.2 mg/kg) was administered subcutaneously half an hour before the induction to provide preemptive analgesia. Diazepam and ketamine were administered intravenously at dose rates of 0.25 mg/kg and 2.5 mg/kg, and 0.17 mg/kg and 3.33 mg/kg, respectively to produce and maintain anesthesia. Each parameter was recorded at the pre-operative, operative and post-operative times. The average duration of surgery and length of incision for RFA (16.1 ± 5.13 min and 2.44 ± 0.83 cm) were significantly lower (p < 0.05) than the VMA (21.3 ± 5.48 min and 3.53 ± 0.7 cm). The operated bitches showed hyperthermia (p < 0.05) at 1 hour compared to baseline and 24 hours of surgery. Heart and respiration rates increased significantly (p < 0.05) during traction and severing of ovarian ligaments in bitches within the RFA group, but there was no significant difference within VMA approaches. The sedation score was significantly higher (p < 0.05) at 1 hour after surgery in both approaches. Based on the duration of surgery and length of incision RFA approach was quick and minimal skin wound. Further studies on bitches considering molecular investigations of surgical stress are imperative.

Key words sterilization of bitches, ovariohysterectomy, ventral midline approach, right flank approach, surgery.

Received October 21, 2022 / Revised December 5, 2022 / Accepted January 16, 2023

Source of Funding
This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

Conflicts of Interest
The authors have no conflicting interests.

Ethical Declaration
The study was conducted following the ethical guidelines of IASP and the WMA Declaration of Helsinki – Ethical pro-

References

- Acharya M, Sah MK, Singh DK, Singh S, Dhakal S. Comparative advantage of keyhole right flank laparotomy and ventral midline celotomy for ovariohysterectomy in bitches. *Int J Appl Sci Biotechnol* 2016; 4: 198-202.
- Adin CA. Complications of ovariohysterectomy and orchectomy in companion animals. *Vet Clin North Am Small Anim Pract* 2011; 41: 1023-1039, viii.
- Asari M, Melkamu S. Review on ovariohysterectomy: surgical approach, post-operative complications and their management in bitches. *Int J Adv Multidiscip Res* 2018; 5: 20-28.
- Babu M, Krishnaswamy A, Nethra R, Narasimhamurthy. Comparison of two different laparotomy techniques for ovariohysterectomy and post-surgical complications in cats. *Int J Cur Microbiol App Sci* 2019; 8: 331-334.
- Davidson EB, Moll HD, Payton ME. Comparison of laparoscopic ovariohysterectomy and ovariohysterectomy in dogs. *Vet Surg* 2004; 33: 67-69.
- Dutta A, Maiti SK, Ajith R, Kumar N. Evaluation of different laparoscopic sterilization techniques in a canine birth control program. *Turk J Vet Anim Sci* 2010; 34: 393-402.
- Fazio E, Medica P, Cavano C, Pupillo A, Ferlazzo A. Effects of ovariohysterectomy in dogs and cats on adrenocortical, haematological and behavioural parameters. *Acta Sci Vet* 2015; 43: 1339.
- Fien F, Toppe E, Gogny A. Medical treatment for pyometra in dogs. *Reprod Domest Anim* 2014; 49 Suppl 2: 28-32.
- Hancock R. Comparison of postoperative pain following ovariohysterectomy via harmonic scalpel-assisted laparoscopy versus traditional celotomy in dogs. *Blackburg: Virginia Tech*; 2005. [thesis].
- Hancock RB, Lanz O, Waldron DR, Duncan RB, Broadstone RV, Hendrix PK. Comparison of postoperative pain after ovariohysterectomy by harmonic scalpel-assisted laparoscopy compared with median celotomy and ligation in dogs. *Vet Surg* 2005; 34: 273-282.
- Harty EM, Hansen BD, Carroll GS. Behavior after ovariohysterectomy in the dog: what's normal? *Appl Anim Behav Sci* 1997; 51: 111-128.
- Howe LM. Surgical methods of contraception and sterilization. *Theriogenology* 2006; 66: 500-509.
- Hu XY, Luan L, Guan W, Shi J, Zhao YB, Fan HG. Tofenamic acid and meloxicam both provide an adequate degree of postoperative analgesia in dogs undergoing ovariohysterectomy. *Vet Med* 2017; 62: 333-341.
- Kiani FA, Kachivali AB, Shah MG, Nazami ZA, Khand FM, Lochi

(8) 비SCI 논문-4

SHORT COMMUNICATION

ISSN 2288-1220
https://doi.org/10.5141/jve.23.025
Journal of Ecology and Environment (2023) 47:05

Check for updates

Mercury poisoning in Eurasian river otter (*Lutra lutra*)

Gyurae Kim^{1,2}
Sangjin Ahn^{1,2}
Sang-Joon Lee³
Ba-Ra-Da Koh⁴
Soo-Young Choi⁵
Ho-Seong Cho⁶
and Yeonsu Oh^{7*}

¹College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea
²Kangwon Wildlife Medical Research Center, Chuncheon 24341, Republic of Korea
³Health & Environment Research Institute of Gwangju, Gwangju 61954, Republic of Korea
⁴College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Republic of Korea

*Corresponding authors
Ho-Seong Cho
Email: hsch@jnu.ac.kr
Yeonsu Oh
Email: yeonsoh@kangwon.ac.kr

⁷These authors contributed equally to this work.

Abstract An adult male Eurasian river otter (*Lutra lutra*) with ataxia and lethargy was rescued. Through the necropsy of this otter with neurological symptoms, a broad range of vascular damage caused by mercury toxicity in several organs, hepatocellular necrosis, and vacuolation in the brain. In mercury examination, liver, kidney, and hair showed values of 0.878 ± 0.027, 1.807 ± 0.049, and 5.712 ± 0.102 µg/g, respectively. Compared with certified reference material, it was confirmed that the concentration of mercury were 6.7 times, 13.7 times, and 43.3 times higher, respectively. When the symptoms and diagnosis results were comprehensively reviewed, this otter's demise was revealed due to mercury poisoning. The mercury concentration in the liver does not exceed the lowest observed effect level of 3.4 µg/g. However, even at low concentrations, long-term accumulation can cause symptoms including neuropathy, and the possibility that these heavy metals have accumulated in other wild animals cannot be ruled out. It seems that continuous monitoring using sentinel animals is necessary.

Keywords: animal health, Eurasian river otter (*Lutra lutra*), mercury, public health, wildlife.

Introduction

Mercury (Hg) is a toxic heavy metal that naturally exists as an inorganic or organic compound in the environment (Ehlinghaus et al., 1999). Concerns over mercury in the environment developed during the 1950s and 1960s with the poisoning of humans and wildlife in Japan and Sweden. No matter how clean an area is, there is human activity such as local development, the ecosystems could be contaminated even at very low concentrations when mercury is released (Gowek et al., 2020; Verma et al., 2018), because released mercury is methylated by microorganisms in sediments and converted into highly toxic compounds called methylmercury (MeHg) (Boening 2000; Mergler et al., 2007). MeHg has a much higher bioavailability than normal inorganic mercury and can penetrate cells where there are normally barriers to toxins (Mergler et al., 2007; Ulrich et al., 2001). In other words, it can cross the blood-brain barrier and the placental barrier and directly damage brain and fetal cells. In addition, since bioaccumulation in the food chain occurs as a result of its long half-life and high bioavailability, mercury accumulates in higher concentrations as it moves toward upper predators (Driscoll et al., 2013; Lawrie et al., 2013).

Mercury poisoning causes coma, ataxia, spinal cord degeneration, limb paralysis, tremors, and convulsions and can permanently damage the kidneys, liver, and brain (Boening 2000; Chan et al., 2003). It can also affect the dopamine and cholinergic systems that promote learning and motor, motor function, thermoregulation, and cognition (Basu et al., 2006). In the case of fetuses, spontaneous abortion or fetal cerebral palsy may occur (Chan et al., 2003).

Recently, the anthropogenic emission of mercury has been increasing more rapidly than natural emission, and this is considered a big problem. For example, the amount of mercury measured in Arctic indicator species has increased significantly compared to pre-industrial times (Dietz et al., 2009; Dietz et al., 2011). The international community adopted the Minamata Convention in 2013 to reduce anthropogenic emissions of mercury and thereby prevent damage to people and ecosystems caused by mercury, and the convention came into force in 2017 (Kessler 2013; Science for Environment Policy 2017).

Sentinel animals are widely used as an environmental

Figure 1: Summary of diagnostic findings in necropsy of the Eurasian river otter (*Lutra lutra*). CT: computed tomography; MRI: magnetic resonance imaging; CRMs: certified reference material; Hg: mercury.

Acknowledgements
Not applicable.

Author's contributions
GKH and SJL collected and analyzed data, wrote original draft, SJL, SYC, and BRDK collected data. HSC conceptualized and supervised the research, and reviewed the draft. YO acquired the research grant and conceptualized and supervised the research, and reviewed and edited the draft. The authors read and approved the final manuscript.

Funding
This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

Availability of data and materials
All data generated or analyzed during this study are included in this published article.

Ethics approval and consent to participate
Not applicable.

Consent for publication
Not applicable.

Competing interests
The authors declare that they have no competing interests.

References

Balali-Moed M, Nasiri K, Tahergorabi Z, Khandbari MR, Sedghi M. Toxic mechanisms of five heavy metals: mercury, lead, chromium, cadmium, and arsenic. *Front Pharmacol* 2021;12:641972. <https://doi.org/10.3389/fphar.2021.641972>

(9) 비SCI 논문-5

KJVS <https://doi.org/10.7853/kjvs.2023.48.2.115>
 pISSN: 1229-6562 eISSN: 2287-7630
 Korean J Vet Serv 2023;48(2):115-122

ORIGINAL ARTICLE

Isolation and identification of mosquito-borne zoonotic diseases in slaughterhouse in Daejeon

Youngju Kim¹, Gyurae Kim¹, Sunkyong Song¹, Youngshik Jung¹, Seojin Park¹, Sang-Joon Lee², Ho-Seong Cho^{1*}, Yeonsu Oh^{1*}

¹Daejeon Institute of Health and Environment Division of Animal Health, Daejeon 34142, Korea
²College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea
³College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Received May 28, 2023
 Revised June 8, 2023
 Accepted June 9, 2023

Corresponding author:
 Yeonsu Oh
 E-mail: yeonsoh@kangwon.ac.kr
<https://orcid.org/0000-0001-5743-5396>
 Ho-Seong Cho
 E-mail: hschoh@bnu.ac.kr
<https://orcid.org/0000-0001-7443-167X>
 *These first two authors contributed equally to this work.

Key Words: Mosquito, Mosquito-borne zoonosis, Japanese encephalitis, Flavivirus, Slaughterhouse

INTRODUCTION

Earth's climate is constantly changing. Currently, the Earth is in a warming phase for about three centuries, preceded by an earlier Little Ice Age and a Medieval Warm Period (Reiter, 2001). Although these changes have occurred naturally, recent global warming has been attributed to human activities, with the average global temperature rising about 0.7°C over the past 100 years. Many researchers estimate that global average temperatures will increase by 1–3.5°C by the end of the 21st century. It is the result of a variety of human activities, including excessive fossil fuel use, agricultural land growth, deforestation, and industrialization (Yi et al., 2014). This increase in temperature causes not only regional climate change but also global change, which in turn affects various physical and biological systems.

There are various problems caused by global warming, such as inundation of some islands due to sea level rise, ecosystem disturbance, and endangered species, but among them, the spread of diseases due to the spread of insect vectors due to climate change is a major problem (Patz et al., 2005). Insect vectors are insects that can be carriers of zoonotic diseases, such as mosquitoes, ticks, flies, and fleas. These insect vectors breed in areas suitable for life cycles and climatic factors are most suitable. Increases in temperature generally increase the proliferation of insect vectors and shorten the incubation period of viruses in the body, thereby increasing viral amplification. As a result, the probability of disease

Isolation and identification of mosquito-borne zoonotic diseases in slaughterhouse in Daejeon

Dengue fever, chikungunya fever, and Zika virus infection have no cases of native infection in Korea, but the situation is highly likely to change as mosquito vectors live and *Culex flavivirus* has been detected. So continuous monitoring is necessary because global warming is progressing quite rapidly, increasing number of overseas travelers, new urban development and population density are favorable conditions for the spread of mosquito-borne infectious diseases.

Since mosquitoes have a higher animal preference and livestock are included as hosts of various mosquito-borne infectious diseases, mosquito research on the slaughterhouse should be continuously conducted. In addition, investigations in the slaughterhouse are thought to be good for monitoring diseases because mosquitoes gather not only in one region, but throughout the country. As a result, it can be used as basic data for predicting infectious diseases and can be used to establish measures for mosquito control and prevention of infectious diseases.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

CONFLICT OF INTEREST

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

ORCID

Youngju Kim, <https://orcid.org/0000-0001-9363-1546>
 Gyurae Kim, <https://orcid.org/0000-0003-2599-4745>
 Sunkyong Song, <https://orcid.org/0009-0006-3152-1097>
 Youngshik Jung, <https://orcid.org/0000-0009-0750-7125>

Seojin Park, <https://orcid.org/0000-0002-8646-6826>
 Sang-Joon Lee, <https://orcid.org/0000-0002-2498-8397>
 Ho-Seong Cho, <https://orcid.org/0000-0001-7443-167X>
 Yeonsu Oh, <https://orcid.org/0000-0001-5743-5396>

REFERENCES

CDC. 2021. Centers for Disease Control and Prevention, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases (NCEZID), Division of Vector-Borne Diseases. <https://www.cdc.gov/ncezid/dvbd/about.html>.

Genc A, Eroglu F, Koltas IS. 2010. Detection of *Plasmodium vivax* by nested PCR and real-time PCR. Korean J Parasitol 48: 99-103.

Gleiser RM, Zalazar LP. 2010. Distribution of mosquitoes in relation to urban landscape characteristics. Bull Entomol Res 100: 153-158.

Korea Centers for disease control and prevention. 2021. Infectious disease management guidelines for vaccination in 2021. 11-1790387-000353-01: 183-184.

Kutsuna S, Kato Y, Mui ML, Kotaki A, Ota M, Shinohara K, Kobayashi T, Yamamoto K, Fujiya Y, Mawatari M, Sato T, Kunimatsu J, Takeshita N, Hayakawa K, Kanagawa S, Takasaki T, Ohmagari N. 2015. Autochthonous dengue fever, Tokyo, Japan, 2014. Emerg Infect Dis 21: 517.

Mangold KA, Reynolds SL. 2013. A review of dengue fever: a resurging tropical disease. Pediatr Emerg Care 29: 665-669.

Park GH, Kim SI, Cho SW, Cho SR, Lee SJ, Kim HK, Koo HN, Lee WG, Cho SH, Kim GH. 2018. Seasonal distribution of mosquitoes according to habitat environment (2016-2018). Korean J Appl Entomol 57: 381-392.

Patel P, Landt O, Kaiser M, Faye O, Koppe T, Lass U, Sall AA, Niedrig M. 2013. Development of one-step quantitative reverse transcription PCR for the rapid detection of flaviviruses. Virol J 10: 58.

Patz JA, Campbell-Lendrum D, Holloway T, Foley JA. 2005. Impact: climate change on human

3) 학술회의 발표

Abstract

A Vaccine Based on Asia1 Shamir of the Foot-and-Mouth Disease Virus Offers Low Levels of Protection to Pigs against Asia1/MOG/05, Circulating in East Asia

Heeyeon Kim¹, Ho-Seong Cho², and Yeonsu Oh^{1*}

¹College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea; ²College of Veterinary Medicine and Bio-safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Foot-and-mouth disease (FMD) is one of the most contagious diseases in cloven hoof animals. Vaccination can prevent or control FMD, and vaccine antigens should be matched against circulating viruses. According to phylogenetic analyses, field isolates in this region belonged to genotype V and showed low genetic similarity with the Asia1 Shamir vaccine, the OIE-recommended vaccine strain. In this study, we investigated whether pigs vaccinated with the Asia1 Shamir vaccine could be protected from challenges with the Asia1/MOG/05 virus, one of the genotype V field isolates. Eight pigs were divided into either vaccinated or nonvaccinated control groups. After two vaccinations with Asia1 Shamir, both groups of pigs were challenged with the Asia1/MOG/05 field isolate at 2 weeks after the second vaccination. In the control group, symptoms appeared at 2 days post-infection (dpi). The clinical sign score peaked at 4 dpi, and this coincided with virus shedding through nasal discharge. Neutralizing antibody titers peaked at 17 dpi. In the vaccinated group, clinical signs were delayed compared with the control group, and the highest score was shown at 10 dpi accompanied with virus nasal shedding, which peaked at 11 dpi. Neutralizing antibodies were induced 2 weeks after the second vaccination and peaked at 17 dpi. In conclusion, Asia1 Shamir vaccination in pigs provided partial protection from Asia1/MOG/05 virus infection.

Acknowledgments: This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122013-2).

38 | 2022. 8. 26-27 |

1. '2022 대한바이러스학회 연구회연합 정기학술대회' 학술 발표 초록



2022 International symposium

of Institute of Forest Science
for the 40th Anniversary of College of Forest and Environment Science

DATE October 21, 2022

PLACE CHUNG KANG HALL, Main Library, Kyungpook National University (KNU)

ORGANIZED BY College of Forest and Environment Science, KNU
The Institute of Forest Science (IFS), KNU



The spread of langgy skin disease in Asia

Yong Chul Park^{1,*}, Sang Ju Lee², Ebrahim M. Mafaraj³, Van Tai Do⁴, Tan Sei Chon⁵,
Yeonsu Oh⁶

¹Division of Forest Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea
²Institute of Forest Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea
³Department of Biotechnology and Genetic Engineering, Faculty of Biological Sciences, Islamic University, Ezbida 3001, Bangladesh
⁴Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam (IVRD), Vietnam
⁵Biological and Forest Research Institute, Street 4618, Republic of Korea
⁶College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea

*Corresponding Author(s): Yong Chul Park (parky@knu.ac.kr)

Abstract

Langgy skin disease (LSD) is a recent emerging bovine viral disease in Asia and can cause acute or subacute disease in cattle and some buffalo. The morphological features of LSD-infected individuals is characterized by firm, slightly raised, circumscribed skin nodules of 2 to 7 cm in diameter on body parts such as the neck, legs, tail and back. The clinical symptoms include fever, inappetence, a reduction in milk production, nasal discharge, enlarged lymph nodes, and loss of body weight. LSD is transmitted primarily by arthropod vectors such as blood-feeding insects and ticks. In wildlife, the disease was reported in an Arabian oryx and rhesus macaque. Wildlife for the LSDV include African buffaloes, the wild boar, eland, giraffe, impala and greater kudu. However, the role of wildlife in the epidemiology of LSD is not yet well understood, perhaps because of the difficulty in monitoring the skin lesions. Since the first report of LSD in Bangladesh and China in July 2019, LSD seems to have spread over almost all divisions in Bangladesh by December 2019. In August 2020, the disease appeared in India and has spread to the southern part of India since January 2021. In June 2020 LSD appeared for the first time in the eastern part of Nepal. LSD recently continues to spread in the East and South Asian region, including various provinces spanning South and East China, as well as Nepal, India and Bhutan. The recent rapid spread of disease in Asian continent indicates the importance of understanding the distribution, vector, and transmission routes of LSD. The presentation is designed to provide emerging information on the various aspects of the disease, focusing on current distribution, transmission vectors and the potential role of wildlife in the further spread of LSD.

Keywords: Langgy skin disease; Emerging bovine viral disease; Epidemiology; LSDV; Wildlife

Acknowledgement

This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122015-2).

113

2. 2022 International symposium of Institute of Forest Science 발표 초록



2022 International symposium

of Institute of Forest Science
for the 40th Anniversary of College of Forest and Environment Science

DATE October 21, 2022

PLACE CHUNG KANG HALL, Main Library, Kyungpook National University (KNU)

ORGANIZED BY College of Forest and Environment Science, KNU
The Institute of Forest Science (IFS), KNU



Transmission dynamics, molecular identification, and genomic characterization of langgy skin disease virus in Bangladesh

Ebrahim M Mafaraj^{1*}, Mohammad Mizanur Karim², Sang Ju Lee³, Yeonsu Oh⁴, Yong Chul Park⁵

¹Department of Biotechnology and Genetic Engineering, Faculty of Biological Sciences, Islamic University, Ezbida 3001, Bangladesh
²Institute of Forest Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea
³College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea
⁴Division of Forest Science, Kyungpook National University, Chinsokbe 24341, Republic of Korea

*Corresponding Author(s): Ebrahim M Mafaraj (mazarham@iug.edu.bd), Yong Chul Park (parky@knu.ac.kr)

Abstract

The emerging infectious diseases, particularly viral infections, is essential to monitor host species such as domestic, semi-domestic (sheep, poultry, pig, fish and rabbit), and marine organisms around the world. In Bangladesh, the most important animal viral diseases are Nipah virus (Nipah fever), langgy skin disease virus (LSDV) and water buffalo, west Nile virus (wNV) (meningo-encephalitis), rinderpest virus (RPV) and wild boar, and many others. However, langgy skin disease is one of viral diseases caused by langgy skin disease virus (LSDV). LSDV is primarily spread by arthropod vectors such as flies, mosquitoes, ticks and direct or indirect contact between infected and susceptible animals. Based on an extensive host analysis, the average host pig case due to LSDV was 9584.41 SDV (110.40 US \$). The major losses have been attributed to it by treatment cost, extra management cost, lower animal selling price, slow cure, and income loss resulting in lower milk yield. On September 11, 2019, OIE (World Organization for Animal Health) reported that the disease first appeared in the Southeast region of Bangladesh (Chattogram district), then progressively spread throughout the entire country. So far, an LSDV outbreak in Bangladesh have been documented with the clinical signs and collect sample for diagnostic confirmation. The genomic profile of LSDV, circulating in Bangladesh, are unknown. The virus (LSDV) has a double-stranded DNA genome, which is about 151,000 bp in size, encoding approximately 106 proteins. The previous research finding that Bangladesh isolates differ from common LSDV field isolates encountered in Africa, the Middle East, and Europe, as well as newly emerged LSDV viruses in Russia and China, based on a phylogenetic analysis and detailed inspection of multiple sequence alignment. Finally, the laboratory and management practices, transmission dynamics, continuous monitoring and genomic characterization of circulating strains of LSDV should be prioritized.


Keywords: Zoonotic disease; Animal health; Langgy skin disease; Cattle; LSDV

Acknowledgements

This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 122015-2). The project was partially supported by the project, reference no. 16-00-0000-09-08-034-1-1176-240, provided by the Ministry of Science and Technology, Bangladesh and project no. 17-01-0008-0713-03-007-20-113 was provided by the University Grants Commission of Bangladesh.



114

3. 2022 International symposium of Institute of Forest Science 발표 초록



2022 International symposium
of Institute of Forest Science
for the 40th Anniversary of College of Forest and Environment Science

| DATE October 21, 2022
| PLACE CHUNG KANG HALL, Main Library, Kangwon National University (KNU)
| ORGANIZED BY College of Forest and Environment Science, KNU
The Institute of Forest Science (IFS), KNU

Visiting pattern of wildlife to agricultural land

Sang In Lim¹, Yang Chul Park^{2*}

¹Institute of Forest Science, College of Forest & Environmental Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea
²Division of Forest Science, College of Forest & Environmental Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea

^{*}Corresponding Author(s): Yang Chul Park (parky@kangwon.ac.kr)

Abstract
For the study of wild mammals' visit to agricultural land, the camera trap survey was conducted in agricultural land in Odessa National Park. The results of trap survey showed that 478 wild mammal photographs were obtained, and 10 wildlife species (six families of three orders) were identified. The visit frequency analysis showed that water deer was photographed the most with 179 times. Next was roe deer 133 times - wild boar 93 times - raccoon 78 times, whereas cat and weaslet were photographed the least with only one time. Wild boar, roe deer, and water deer, which are causing a lot of damages to crops, showed a high frequency of visit. Monthly visit were analyzed for five species, including water deer, roe deer, wild boar, raccoon, and hare, who visited agricultural land more than 10 times. Maximum of water deer, wild boar, and roe deer were high in July to September, the crop harvest season. In the case of roe deer, the visit was relatively high even in winter compared to other mammals.

Keywords: Visiting frequency, Camera trap, Agricultural land, Wild deer

Acknowledgements
This research was funded by the Cooperative Research Program for Agricultural Science & Technology Development (grant number 201085901300).

119

4. 2022 International symposium of Institute of Forest Science 발표 초록



2022 International symposium
of Institute of Forest Science
for the 40th Anniversary of College of Forest and Environment Science

| DATE October 21, 2022
| PLACE CHUNG KANG HALL, Main Library, Kangwon National University (KNU)
| ORGANIZED BY College of Forest and Environment Science, KNU
The Institute of Forest Science (IFS), KNU




Perspectives on mathematical models applied to invasive virus diseases for animals

Tae Soo Chon¹, Sang In Lim², Yoonan Oh³, Yang Chul Park⁴

¹Ecology and Forest Research Institute, Busan 48226, Republic of Korea
²Institute of Forest Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea
³College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea
⁴Division of Forest Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea

^{*}Corresponding Author(s): Tae Soo Chon (tsoo.chon@gmail.com)

Abstract
Due to environmental disturbance and human aggregation, alien species invade new area rapidly, especially disease expansion is common due to high possibility of contagion and commensalism. Since essential factors including pathogen, host, environmental factors and human involvements are closely associated with disease transmission in a complex manner, mathematical models are required to predict disease dispersal objectively and provide optimal management strategies for disease control. Mathematical models are reviewed regarding virus diseases that have a strong possibility of spreading in Korea, including Langya skin virus, Nipah virus and West Nile virus. With data-driven models, statistical models were used to determine disease occurrence and spatio-temporal distribution. Techniques in machine learning (e.g., Maxent, genetic algorithm) were utilized to predict associative properties and causality relationships between pathogens, hosts and environmental factors and to be able to predict disease occurrence. Regarding mechanistic models, mathematical structure models were developed to present the quantitative framework of dynamical disease transmission between suitable, fit, immune, susceptible, infected and recovered populations. The possibility of using simulation models (e.g., individual based models, lattice structure models) based on transmission rules applied to complex environmental and dispersal conditions is additionally discussed to clarify risk factors, propose disease occurrence and select optimal strategies for control management according to various scenarios.

Keywords: Virus disease, Epizootics, Data-driven models, Mechanistic models, Disease transmission

Acknowledgements
This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (Project No. 123013-2).

117

5. 2022 International symposium of Institute of Forest Science 발표 초록



(사)대한수의학회 2022년 추계학술대회 포스트 코로나 시대의 의약품 및 백신개발에서 수의학의 핵심 전략

Core Strategy of Veterinary Medicine for the Development of Prescriptions and Vaccines in Post-Corona Era

- 일 시 : 2022년 11월 18일(수)~19일(목)
• 장 소 : 제주국립컨벤션센터
• 주 최 : (사)대한수의학회
• 공동주최 : 시흥의약품안전처, 국립수의생명정보관리원, 경상국립대학교, 경상국립대학교 산학협력단, 경상국립대학교 오성동물병성대학원 사업단, 반려동물신약개발사업단, 비교의학적환경연구센터(서울대 SFC), 서울대학교 수의과대학 ECR, FOUR 미래수의학선도교육원, 전북대학교 생체안전성연구소 중점연구소지원사업단, 제주대학교 수의과대학 연구소, 충남대학교 수의과대학 동물미생물학 연구소 재능형 동물감염병 중점연구소, 충북대학교 반려동물중개사업단, 대한골발수학회, 대한수의학회, 한국동물매개성리치학회, 한국예방수의학회, 한국동물보건학회, 한국말장수학회, 한국수의생리학회, 한국수의약리학회, 한국수의해부학회, 한국수의행위학회, 한국수의생물생태학회
• 후원 : 제주특별자치도, 한국과학기술단체총연합회, 한국마사회, 배정기(한경)임용총괄팀, ㈜바이오노트, 주식회사 스타셀, ㈜한국농수산물진흥기회
• 협찬 : 씨에이치디, 바이오노트, ㈜제주컨벤션센터, FEED 컨설팅, 나노씨엠에스, 로켓헬스케어, ㈜미리코바이오메드, 주식회사 티시스템, ㈜유로로인, ㈜세티바이오메드, ㈜키비, 티엘바이오

사단법인 대한수의학회 The Korean Society of Veterinary Science

"이 발표논문집은 정부지원(과학기술진흥기금 및 복권기금)으로 한국과학기술단체총연합회의 지원을 받아 발간되었음"

6. (사)대한수의학회 2022년 추계학술대회 발표 초록

포스트 코로나 시대의 의약품 및 백신개발에서 수의학의 핵심 전략

P-073 The genetic characteristics of Pasteurella multocida from pigs with the respiratory lesions in Korea from 2017 to 2021

Taejeun Kim*, Sang-Hee Lee*, Sang-Hyeon Hwang*, Gyuwon Kim*, Seahn Moon*, Hee-Seung Cho*, Yoonsoo Oh*
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Pasteurella multocida is a Gram-negative coccobacillus which is the pathogen of the animal respiratory tract in pigs. P. multocida was also the primary or opportunistic pathogen of the upper and lower respiratory tracts. Since P. multocida is one of the most common agents isolated from cases of pneumonia, it is often considered as a bacterial pathogen associated with porcine respiratory disease complex. By using 122 P. multocida strains which were isolated from pigs with respiratory lesions in Korea from 2017 to 2021, we investigated the adaptability with their 16S rDNA gene sequences based on the reference strain from NCBI (GenBank accession number: AF045833). We analyzed the genetic characteristics and genetic relationships of P. multocida isolates. The phylogenetic tree (ST) of each P. multocida isolate. The adaptability was performed together with multiple sequence alignment by using BLAST. Sequence analysis was performed by using P. multocida reference pathogenicity-10, and Pasteurella-20. The maximum likelihood gene (g) and high (h) gene (a + b) and high (h) gene (a + b). The STs were ST1 (n = 1), ST2 (n = 7), ST3 (n = 1), ST4 (n = 1), ST5 (n = 1), ST6 (n = 1), ST7 (n = 1), ST8 (n = 1), ST9 (n = 1), ST10 (n = 1), ST11 (n = 1), ST12 (n = 1), ST13 (n = 1), ST14 (n = 1), ST15 (n = 1), ST16 (n = 1), ST17 (n = 1), ST18 (n = 1), ST19 (n = 1), ST20 (n = 1), ST21 (n = 1), ST22 (n = 1), ST23 (n = 1), ST24 (n = 1), ST25 (n = 1), ST26 (n = 1), ST27 (n = 1), ST28 (n = 1), ST29 (n = 1), ST30 (n = 1), ST31 (n = 1), ST32 (n = 1), ST33 (n = 1), ST34 (n = 1), ST35 (n = 1), ST36 (n = 1), ST37 (n = 1), ST38 (n = 1), ST39 (n = 1), ST40 (n = 1), ST41 (n = 1), ST42 (n = 1), ST43 (n = 1), ST44 (n = 1), ST45 (n = 1), ST46 (n = 1), ST47 (n = 1), ST48 (n = 1), ST49 (n = 1), ST50 (n = 1), ST51 (n = 1), ST52 (n = 1), ST53 (n = 1), ST54 (n = 1), ST55 (n = 1), ST56 (n = 1), ST57 (n = 1), ST58 (n = 1), ST59 (n = 1), ST60 (n = 1), ST61 (n = 1), ST62 (n = 1), ST63 (n = 1), ST64 (n = 1), ST65 (n = 1), ST66 (n = 1), ST67 (n = 1), ST68 (n = 1), ST69 (n = 1), ST70 (n = 1), ST71 (n = 1), ST72 (n = 1), ST73 (n = 1), ST74 (n = 1), ST75 (n = 1), ST76 (n = 1), ST77 (n = 1), ST78 (n = 1), ST79 (n = 1), ST80 (n = 1), ST81 (n = 1), ST82 (n = 1), ST83 (n = 1), ST84 (n = 1), ST85 (n = 1), ST86 (n = 1), ST87 (n = 1), ST88 (n = 1), ST89 (n = 1), ST90 (n = 1), ST91 (n = 1), ST92 (n = 1), ST93 (n = 1), ST94 (n = 1), ST95 (n = 1), ST96 (n = 1), ST97 (n = 1), ST98 (n = 1), ST99 (n = 1), ST100 (n = 1). To the best of our knowledge, P. multocida sequences from Korea were identified for the first time. Therefore, conditions matching with their molecular characteristics and phylogenetic relationships was a model to predict and help in diagnosis and public health.

P-074 First serological evidence of exposure to SARS-CoV-2 in Korean native cattle in Korea

Hee-Seung Cho**, Do-Yun Baek**, Daengwon Jang**, Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Bio-safety Research Institute, Seoul National University, Seoul 151-747, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
The COVID-19 pandemic is caused by a novel coronavirus (SARS-CoV-2) which is highly contagious and has caused a global health crisis. The virus has spread to many countries, including South Korea. In this study, we investigated the serological evidence of exposure to SARS-CoV-2 in Korean native cattle. We collected blood samples from 100 Korean native cattle and analyzed them for the presence of SARS-CoV-2 antibodies using a rapid diagnostic kit (RDT). The results showed that 10% of the cattle were positive for SARS-CoV-2 antibodies. This finding is the first serological evidence of exposure to SARS-CoV-2 in Korean native cattle. We hope that this study will help in understanding the transmission of SARS-CoV-2 and in developing control strategies.

P-075 Effect of the anteroam as a biosecurity facility to prevent pathogens entering and spreading within the pig farm

Hee-Seung Cho**, Taek-Gun Lee**, Kyung-Hyeon Kim**, Daengwon Jang**, Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Bio-safety Research Institute, Seoul National University, Seoul 151-747, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Biosecurity plays a critical role in preventing and controlling the introduction and spread of infectious diseases. This is particularly evident in the case of pig farming where the most common cause of disease is the introduction of pathogens from other farms. In this study, we investigated the effect of anteroam as a biosecurity facility to prevent pathogens entering and spreading within the pig farm. We installed anteroam facilities at the entrance of the pig farm and monitored the number of pathogens entering and spreading within the pig farm. The results showed that the anteroam facilities significantly reduced the number of pathogens entering and spreading within the pig farm. This finding is the first evidence of the effectiveness of anteroam as a biosecurity facility in pig farming.

P-076 Comparative analysis of fecal microbiomes from healthy dogs with age and food

Sung-Hyeon Hwang**, Taek-Gun Lee**, Do-Yun Baek**, Yoonsoo Oh**, Hee-Seung Cho**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
The gut microbiome influences the health of dogs and each dog has a unique gut microbiome. However, little is known about the impact of age and feeding on the gut microbiome composition in dogs. In this study, we compared the fecal microbiomes of healthy dogs with different ages and feeding habits. We collected fecal samples from 100 dogs and analyzed them for the presence of various bacterial species. The results showed that the gut microbiome composition of dogs changes with age and feeding habits. This finding is the first comparative analysis of fecal microbiomes from healthy dogs with age and food.



(사)대한수의학회 2022년 추계학술대회 포스트 코로나 시대의 의약품 및 백신개발에서 수의학의 핵심 전략

Core Strategy of Veterinary Medicine for the Development of Prescriptions and Vaccines in Post-Corona Era

- 일 시 : 2022년 11월 18일(수)~19일(목)
• 장 소 : 제주국립컨벤션센터
• 주 최 : (사)대한수의학회
• 공동주최 : 시흥의약품안전처, 국립수의생명정보관리원, 경상국립대학교, 경상국립대학교 산학협력단, 경상국립대학교 오성동물병성대학원 사업단, 반려동물신약개발사업단, 비교의학적환경연구센터(서울대 SFC), 서울대학교 수의과대학 ECR, FOUR 미래수의학선도교육원, 전북대학교 생체안전성연구소 중점연구소지원사업단, 제주대학교 수의과대학 연구소, 충남대학교 수의과대학 동물미생물학 연구소 재능형 동물감염병 중점연구소, 충북대학교 반려동물중개사업단, 대한골발수학회, 대한수의학회, 한국동물매개성리치학회, 한국예방수의학회, 한국동물보건학회, 한국말장수학회, 한국수의생리학회, 한국수의약리학회, 한국수의해부학회, 한국수의행위학회, 한국수의생물생태학회
• 후원 : 제주특별자치도, 한국과학기술단체총연합회, 한국마사회, 배정기(한경)임용총괄팀, ㈜바이오노트, 주식회사 스타셀, ㈜한국농수산물진흥기회
• 협찬 : 씨에이치디, 바이오노트, ㈜제주컨벤션센터, FEED 컨설팅, 나노씨엠에스, 로켓헬스케어, ㈜미리코바이오메드, 주식회사 티시스템, ㈜유로로인, ㈜세티바이오메드, ㈜키비, 티엘바이오

사단법인 대한수의학회 The Korean Society of Veterinary Science

"이 발표논문집은 정부지원(과학기술진흥기금 및 복권기금)으로 한국과학기술단체총연합회의 지원을 받아 발간되었음"

7. (사)대한수의학회 2022년 추계학술대회 발표 초록

발표

P-077 Complete genome sequence of Lake Simul Virus from Honeybees in South Korea

The-Myung Yi*, Hee-Seung Cho**, Do-Yun Baek**, Yoonsoo Oh**, Hee-Seung Cho**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
The complete genome sequence of Lake Simul Virus (LSV) was determined from honeybees in South Korea. The LSV genome consists of 11,233 nucleotides and encodes 11 proteins. The results showed that the LSV genome sequence from Korea is highly similar to that of LSV isolates from other countries. This finding is the first complete genome sequence of LSV from Korea. We hope that this study will help in understanding the transmission of LSV and in developing control strategies.

P-078 Epithelial variant of mycobacterium of the fly in a dog

Hee-Seung Cho**, Taek-Gun Lee**, Kyung-Hyeon Kim**, Daengwon Jang**, Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Bio-safety Research Institute, Seoul National University, Seoul 151-747, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Mycobacterium species are known to cause various diseases in humans and animals. In this study, we investigated the epithelial variant of mycobacterium of the fly in a dog. We collected a fly from a dog and analyzed it for the presence of mycobacterium. The results showed that the fly was positive for the epithelial variant of mycobacterium. This finding is the first report of the epithelial variant of mycobacterium of the fly in a dog.

P-079 Mercury exposure analysis for a Korean Otter (Lutra lutra): Case report

Sung-Hyeon Hwang**, Taek-Gun Lee**, Do-Yun Baek**, Yoonsoo Oh**, Hee-Seung Cho**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Mercury is a toxic element that can cause various diseases in humans and animals. In this study, we investigated the mercury exposure analysis for a Korean otter. We collected a urine sample from an otter and analyzed it for the presence of mercury. The results showed that the otter was positive for mercury. This finding is the first mercury exposure analysis for a Korean otter.

P-080 Recent pathological investigation of Korean water dog (Hydrophilus aeneus) group in Gangwon and Gyeonggi Region



Sung-Hyeon Hwang**, Taek-Gun Lee**, Do-Yun Baek**, Yoonsoo Oh**, Hee-Seung Cho**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
Yoonsoo Oh**
College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24264, Korea
The Korean water dog (Hydrophilus aeneus) group is a species of water dog that is found in Korea. In this study, we investigated the recent pathological investigation of Korean water dog in Gangwon and Gyeonggi Region. We collected several water dogs and analyzed them for the presence of various pathogens. The results showed that the water dogs were positive for various pathogens. This finding is the first pathological investigation of Korean water dog in Gangwon and Gyeonggi Region.

2022년 한국환경유전자학회 추계학술대회

주제

eDNA 연구표준화 그리고 생물 모니터링

2022. 12. 15(목)
~ 2022. 12. 16(금)
제주 그라벨호텔

주관·주최  한국환경유전자학회  전남대학교 수산과학연구소

P-36

Self-organizing Map Applied to Spatial Patterning of Genomic Sequence Data for the Lumpy Skin Virus

Tae-Soo Choe^{1,2}, Yong-Hyeok Jung³, Sang-Jin Lim⁴, Yeonsu Oh⁵, and Yung-Chul Park⁶

¹Ecology and Future Research Institute, ²Moscow Institute of Computer, Information and Communication, ³Busan National University, ⁴Institute of Forest Science, ⁵Kangwon National University, ⁶College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University

A Self-organizing map (SOM) was applied to DNA sequence data for the G-protein-coupled chemokine receptor (GPCR) in the Lumpy skin virus collected from infected cows. Data from different locations including Europe, Middle East and Asia were used as input data for the SOM along with sample positions and environmental factors (temperature and precipitation). Relationships between genomic variation and climate data were revealed within the spatial framework. Genomic difference was variably observed compared to geographical locations of sampling points. Usefulness of machine-learning is discussed in extracting associative information residing in three regimes, genetic information, environmental factors and spatial positions concurrently. (This study was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA)(Project No. 122013-00).

8. 2022년 한국환경유전자학회 추계학술대회 발표 초록



IMMUNOLOGY AND VACCINOLOGY

IMM-PP-01

INFLUENCE OF MATERNAL AND PIGLET VACCINATION ON SEROPREVALENCE OF SALMONELLA TYPHIMURIUM IN REARING PIGS AND AT SLAUGHTER

T.J. Nicolaisen¹, H. Vornhals¹, M. Kschling¹, D. Brinkmann¹, J. Vonnahme¹, H. Hennig-Pauka¹
¹Field Station for Epidemiology, Baksun, University of Veterinary Medicine Hannover, Foundation, Hannover, Germany
²VVG Münsterland Löttinghausen/ Nordwalde
³Ceva Tiergesundheit GmbH, Kanzlerstraße 4, 40472 Düsseldorf – Germany
⁴Fleischhof Rasting GmbH, Eisbacherstr./Am Pannacker, 53340 Meckenheim
⁵Tierärztliche Gemeinschaftspraxis Büren FGS-GmbH

IMM-PP-02

ASIAN SHAMIR BASED VACCINE OF THE FOOT-AND-MOUTH DISEASE VIRUS PROVIDES ONLY PARTIAL PROTECTION AGAINST EAST ASIAN EPIDEMIC VIRUS

Y. Oh¹, H. Cho¹, S. Lee¹, G. Kim¹, S. Moon¹, D. Terk¹
¹Department of Veterinary Pathology, College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon, Republic of Korea
²Laboratory of Swine Diseases, College of Veterinary Medicine and Bio Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan, Republic of Korea
³Kangwon National University
⁴Korea Zoonosis Research Institute, Jeonbuk National University

IMM-PP-03

LONG-TERM FOLLOW-UP OF MYCOPLASMA HYOPNEUMONIAE-SPECIFIC CELL-MEDIATED IMMUNITY IN VACCINATED PIGS

E. Biebaut¹, L. Beuckelaere¹, F. Boyen¹, F. Haesebrouck¹, B. Devriendt¹, D. Maes¹
¹Department of Internal Medicine, Reproduction and Population Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Ghent University, Belgium
²Department of Pathobiology, Pharmacology and Zoological Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Ghent University, Belgium
³Department of Translational Physiology, Infectology and Public Health, Faculty of Veterinary Medicine, Ghent University, Belgium

IMM-PP-04

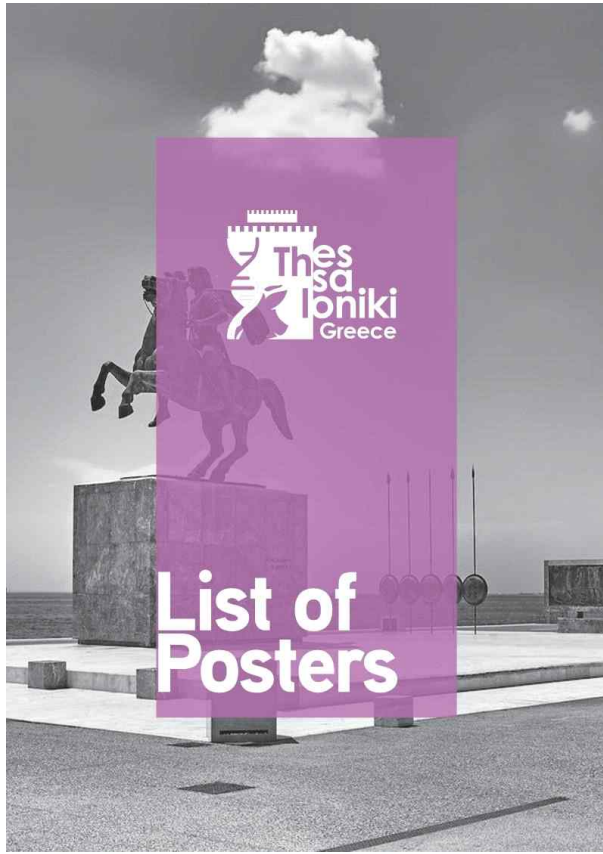
EVALUATION OF MATERNAL DERIVED ANTIBODIES IN BRACHYSPIRA HYODYSENTERIAE NATURALLY INFECTED SOWS AND THEIR OFFSPRING

E. Hoggis¹, L. Cano¹, H. Arguñello¹, A. Cervajal¹, P. Rubio¹, G. Cano¹, N. Cassado¹, L. Alvarez¹, M. Garcia-Diez¹
¹IAQUILON CYG S.L.
²FACULTAD DE VETERINARIA, UNIVERSIDAD DE LEON, SPAIN
³OPP GROUP

IMM-PP-05

EVALUATION OF STRATEGIC VACCINATIONS TO PREVENT ACTINOBACILLUS PLEUROPNEUMONIAE

H. Cortez¹, M. Stompe¹, P. Wallgren¹
¹Farm & Animal Health, Kalmar, Sweden
²Piggyet Ltd, Halltorp, Sweden
³National Veterinary Institute (SVA), Uppsala, Sweden



VVD-PP-11

EPIDEMIOLOGICAL FEATURES OF SWINE INFLUENZA AND CHARACTERIZATION OF ISOLATED SWINE INFLUENZA VIRUSES IN KOREA

H. Cho¹, S. Moon¹, D. Bae², T.G. Lee³, Y. Ko⁴, D. Tark⁵, Y. Oh⁶
¹College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan, Republic of Korea
²College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea
³Laboratory for infectious disease prevention, Korea Zoonosis Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54531, Republic of Korea
⁴Department of Veterinary Pathology, College of Veterinary Medicine & Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon, Republic of Korea

VVD-PP-12

CLIMATE CHANGE INFLUENCES THE SPREAD OF AFRICAN SWINE FEVER VIRUS

Y. Oh¹, H. Cho¹, D. Tark¹, S. Lee², G. Kim³, S. Moon⁴
¹College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University
²College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan, Republic of Korea
³Korea Zoonosis Research Institute, Jeonbuk National University
⁴Kangwon National University

VVD-PP-13

THE EPIDEMIOLOGY OF PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME (PRRS) IN AN INTEGRATED PIG COMPANY OF NORTHERN ITALY: MULTIPLE THREATS REQUIRING MULTILEVEL INTERVENTIONS

G. Franzo¹, G. Barbierato¹, P. Pesente¹, M. Legnardi¹, C.M. Tucciarone¹, G. Sandri¹, G. Faustini¹, M. Drigo²
¹Dept. of Animal Medicine, Production and Health, University of Padova, Legnaro, Italy
²Laboratorio Tre Valli/Gruppo Veronesi
³Soc. Agr. La Pellegrina spa/ Gruppo veronesi

VVD-PP-14

COMPARISON OF THE RATE OF DETECTION OF PRRSV-1 IN SERUM AND FAMILY ORAL FLUID TESTED INDIVIDUALLY OR AFTER POOLING

Å. Lakost, J.C. Trépoire-Coste¹, J. Jusseau¹, C. Chevrance¹, V. Normand¹, T. Niclazzo¹, M. Brissonnier¹, P. Berton¹, G. Boubrin¹
¹Resolution Pig Consulting Services, Noyal-Pontivy, France
²PORCSPECTIVE, Swine Vet practice, ZA de Gohéleve, 56920 Noyal-Pontivy, France

VVD-PP-15

TARGETED NEXT GENERATION SEQUENCING: AN OPPORTUNITY TO GAIN BETTER INSIGHTS TO PRRSV

L. Spiekermann¹, J. Busch¹, H. Bischoff¹
¹AniCon Labor GmbH, Hoeltinghausen, Germany

VVD-PP-16

CHANGES IN THE ENTERIC VIROME AROUND WEANING IN A HEALTHY PIG FARM

M. Schme¹, R. Van Den Brak¹, J. Peijnenborg¹, W. Kuller¹, A. De Groot¹
¹MSD AH Benelux, Boomer, the Netherlands
²MSD AH D&T, Boomer, the Netherlands
³University Farm Animal Practice, Harmelen, The Netherlands



List of Posters

VVD-PP-17

A DESCRIPTIVE STUDY ON SPATIAL AND TEMPORAL DISTRIBUTIONS OF GENETIC CLUSTERS OF PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME VIRUS (PRRSV) IN QUEBEC, CANADA, BETWEEN 2010 AND 2019

M. Lambert¹, J. Arseneault¹, J. Côté¹, S. D'Almeida¹

¹Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine, Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA)-FRONT, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Moncton, St. Hyacinthe, Quebec, Canada

VVD-PP-18

ORAL FLUID-BASED EARLY WARNING SYSTEM FOR PRRSV IN AI BOARS

L. Dieste Pérez¹, J. Van Hooff¹, M. Houben¹, E. Willems¹, K. Eenink¹, A. Stadsgaard²

¹Royal GD, Deventer, The Netherlands

²Topigs Norsvin Research Centrum, Beuningen, The Netherlands

³Topigs Norsvin Nederland, Vught, The Netherlands

VVD-PP-19

SPATIAL PROLIFERATION OF AFRICAN SWINE FEVER VIRUS IN SOUTH KOREA

Y. Oh¹, H. Cho¹, D. Park¹, S. Lee¹, G. Kim¹, S. Moon²

¹College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University

²College of Veterinary Medicine and Bio Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan, Republic of Korea

³Korea Zoonosis Research Institute, Jeonbuk National University

⁴Kangwon National University

VVD-PP-20

OPTIMAL HANDLING AND STORAGE OF PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME VIRUS (PRRSV) POSITIVE SAMPLES FROM FARM TO ANALYSIS

L.K. Kjægaard¹, E.O. Nielsen¹, L.E. Larsen¹

¹SEGES Innovation P/S, Livestock, Arelevvej 3, DK 1609 Copenhagen V, Denmark

²University of Copenhagen, Institute for Veterinary and Animal Sciences, Stigbøjen 4, DK 1870 Frederiksberg C, Denmark

VVD-PP-21

GENETIC CONNECTIVITY OF WILD BOAR IN A REGION WITH AFRICAN SWINE FEVER

U. Simon¹, K. Gerhards¹, S. Blome², H. Willems¹, G. Reiner¹

¹Justus-Liebig-University Giessen

²Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald - Insel Riems, Germany

³Department for Veterinary Clinical Sciences, Justus-Liebig-University Giessen, Frankfurter Strasse 112, Giessen, Germany

VVD-PP-22

OCCURRENCE OF EARLY PCV2 INFECTION IN DANISH PIGLETS

M. Øvst Pålsson¹, A.K. Ballebye Lind¹, T. Hovmand²

¹MSD Animal Health, Copenhagen, Denmark

²Danvet K/S

2023년도 제 35차
한국수의병리학회 학술대회



- ◆ 일시: 2023년 10월 13일(금), 09:00 ~ 20:00
- ◆ 장소: 서울시 서초구 강남대로 107길 6(테리버사이드호텔-노벨라출)
- ◆ 주관: 한국수의병리학회 (<http://www.ksvp.or.kr>)
- ◆ 후원: ㈜PATH, Postbio, 유한양행 중앙연구소, Korea Vet Lab, 바이오노트, 서울대 의생명과학원 전임상센터, 바이오톡스텍, ㈜캡온, ㈜그린넷

[PP-2]

The potential tick defense linked to skin and hair characteristics in Korean water deer (*Hydropotes inermis argyropus*) compared with roe deer (*Capreolus pygargus*)

Sang-Joon Lee^{1,2}, Ho-Seong Cho^{2*}, Gyurae Kim¹, Subin Moon¹, Seoungmin Jeon¹, and Yeonsu Oh^{1,2}

¹College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Republic of Korea, ²College of Veterinary Medicine and Bio-Safety Research Institute, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

*Equally contributed.

Abstract

The Korean water deer (WD) is considered a dominant wildlife species in South Korea but is classified as vulnerable on the IUCN Red List. Despite sharing several unique characteristics with other deer species, WDs have a notably lower incidence of tick bites compared to species such as roe deer (RD). In natural environments, ticks engage in questing behavior, waiting on grasses for hosts to come by and climb onto their hair coat. They rely on sensory organs to detect signals, including body temperature and chemicals from the host's skin, before moving to their preferred feeding location. Given this, we conducted a comprehensive comparative analysis of the skin tissue and hair features of both WDs and RDs to investigate factors contributing to the WD's lower incidence of tick bites. Our findings revealed several significant differences between WDs and RDs. Notably, WDs exhibited larger blood vessels, sebaceous glands, and sweat glands, which play crucial roles in maintaining the barrier functions of the skin ($p \leq 0.004$). Additionally, WDs had irregular scale surfaces on their hair cuticles and possessed hair strands that were significantly stiffer and 2.83 times thicker in diameter compared to RDs ($p < 0.001$). These factors collectively make it more challenging for ticks to move onto the epidermis of WDs. To the best of our knowledge, this is the first focused study comparing the skin and hair features of WDs and RDs in relation to tick bite prevention. Based on our findings, we propose that these observed differences may contribute to WDs evading tick bites more effectively than RDs. Further research in this field would provide a deeper understanding of tick-host interactions and may aid in the development of preventive strategies to reduce tick-borne diseases in other deer species.

Acknowledgement: This work was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry(IPEF) through Animal Disease Management Technology Advancement Support Program, funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs(MAFRA)(Project No. 122013-2).

Keywords: Korean water deer, skin and hair characteristics, comparative pathology, tick bites
Corresponding author: Yeonsu Oh, yeonsoh@kangwon.ac.kr

뒷면지

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술고도화지원사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표하는 때에는 반드시 농림축산식품부에서 시행한 가축질병대응기술 고도화지원사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀 유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안 됩니다.