

경북도내 참진드기매개 세균성 병원체 분포 및 특성 분석

송지현 · 손영희 · 서상욱 · 황광립 · 이은영 · 손진창 · 이경호

감염병조사과

Distribution and Property Analysis of Tick Borne Bacterial Pathogens in Hard Ticks Collected in Gyeongbuk

J. H. Song, Y. H. Son, S. Y. Seo, K. R. Hwang, E. Y. Lee, J. C. Son and K. H. Lee

Infectious Disease Research Division

Abstract

The aim of this study was to monitor tick population density and its infection rate at four collection sites in Gyeongbuk province. For this study, total 6,777 ticks were collected for two times in the Spring(May) and Fall(September) 2018 using the dry-ice bait trap and flagging method in Yeongcheon, Chungdo, Andong and Gumi in Gyeongbuk. The collected ticks were classified by species using a stereoscopic microscope, and 4 pathogens (*Anaplasma* spp., *Borrelia* spp., *Ehrlichia* spp., *Rickettsia* spp.) were analyzed in using a molecular biological method. As the results from classifying the all ticks by species, the highest rate of collected ticks was the *Haemaphysalis longicornis* as 98.6 %, and followed the *Haemaphysalis flava* as 1.3 %, and then the *Ixodes nipponensis* as 0.1 %. In this study, 3,081 ticks(127 pools) and 3,696 ticks(85 pools) were collected in the first half and the last half, respectively. 76 pools were positive for *Borrelia* spp.(3 pools), *Rickettsia* spp.(73 pools) according to PCR for groEL or Fla genes and sequencing analysis were identified. This report suggests that surveillance of tick vectors and characteristic analysis of Gyeongbuk isolates are necessary to prevent the spreading of tick-borne diseases.

Key Words : Tick-borne pathogens, *Haemaphysalis longicornis*, *Rickettsia* spp., *Borrelia* spp.

1. 서 론

최근 지구 온난화 현상으로 우리나라는 수풀이 우거지고 야생동물 증가로 진드기 매개성 질환의 발생 가능성이 높아지고 있다¹⁾. 더불어 봄과 가을철 원인불명의 열성질환 및 유주성 홍반의 피부병변 환자 또한 많이 발생하고 있는 추세가 이를 뒷받침한다²⁾.

참진드기는 분류학적으로 거미강(Arachnida), 진드기목(Acari), 후기문아목(Metastigmata), 참진드기과(Ixodidae)에 속하며, 파충류, 조류 및 포유류의 체표에 기생하는 절지동물로서 다양한 병원체를 매개한다. 전 세계적으로 약 800여종이 보고되고 있으며 국내에 보고된 참진드기는 6속 28종이며, 이 중 작은소피참진드기(*Haemaphysalis longicornis*), 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*), 산림참진드기(*Ixodes persulcatus*), 일본참진드기(*Ixodes nipponensis*)가 가장 많이 분포하고 있다.

참진드기의 생활사는 알(egg) - 유충(larva) - 약충(nymph) - 성충(adult)의 단계로 이루어지고 있으며, 불완전 변태를 한다. 참진드기는 흡혈하는 과정에서 숙주에게 피부손상과 참진드기성 마비(tick paralysis)를 유발하며, 병원성 바이러스와 세균 및 원충을 매개한다. 참진드기에 의해 매개되는 질병은 라임병, 아나플라즈마증, 에리키아증, 홍반열, 큐열, 바베시아증 등으로 다양하다. 원인 병원체는 세균인 *Borrelia* spp., *Bartonella* spp., *Coxiella burnetii*, *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., 바이러스인 진드기매개뇌염 바이러스, SFTS 바이러스, 원충인 *Babesia* spp. 등이 있다³⁾. 참진드기

매개 질병은 대부분 사람, 야생동물, 설치류 등에게 전파되는 절지동물매개 인수공통감염질환이다. 이 중 라임병은 미국 및 유럽에서 매년 수만 명의 환자가 발생하고 있으며⁴⁾, 최근 국내에서도 SFTS로 인한 사망사고 발생으로 참진드기 매개 질환에 대한 관심이 높아지고 있다.

따라서 본 연구에서는 경북지역에서 채집한 진드기의 종을 분류·동정하여 지역별, 계절별 분포 특성을 조사하고, 진드기 매개 질병 유발 병원체 4종 *Rickettsia* spp., *Borrelia* spp., *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp.의 유전자를 확인한 병원체 검출 결과를 통해 진드기 매개 질병의 유행 예측을 위한 기초 자료로 활용하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1. 참진드기 채집

영천, 청도, 안동, 구미 4개 지역의 잡목 숲 등에서 2018년 봄철(5월)과 가을철(9월)에 진드기를 채집



Fig. 1. Collecting sites of hard ticks in Gyeongbuk area.

하였다(Fig. 1). 채집 방법은 드라이아이스 유인트랩(dry-ice bait trap)법과 천짓기(flagging)법을 이용하였다(Fig. 2). 채집한 진드기는 -70°C 에 보관하면서 실험에 사용하였다.



Fig. 2. Tick collection by using a dry-ice bait trap(A) and flagging(B).

2.2. 종 분류 · 동정

참진드기 종 분류 · 동정은 실체현미경을 이용하여 Yamaguti 등⁵⁾이 제시한 검색표를 참고하였다. 의두(palps)와 촉수(palparticles)의 길이, 동체와 다리의 색 등을 관찰하여 종별, 성장단계별로 동정하였다.

2.3. 유제액 제조 및 유전자 추출

유제액은 멸균된 PBS에 10% FBS, 5% 페니실린, 5% 스트렙토마이신을 섞어 혼합하였다. 600 μL 의 유제액을 세라믹 bead가 든 분쇄용 튜브에 넣고 참진드기의 유충은 최대 50개체, 약충은 최대 30개체, 성충의 경우 최대 5개체씩 종별, 성장단계별로 구분한 후 pooling하였다. 분쇄기(Precellys 24 tissue homogenizer, Bertin Technologies, France)를 이용하여 9,000 rpm으로 30초씩 3회 분쇄하였다. 세균성 병원체 4종을 검출하기 위해 균질화된 시험용액을 DNeasy tissue kit(Qiagen, Germany)를 이용하여 DNA를 추출하였다.

2.4. PCR에 의한 병원체 검출

Anaplasma spp., *Ehrlichia* spp., *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp. 병원체 4종의 유전자 검출을 위한 PCR 조건은 Table 1과 같다^{6,7,8)}.

2.4.1. *Anaplasma* 및 *Ehrlichia* 검출

Anaplasma 및 *Ehrlichia* spp. 검출을 위하여 1차 증폭은 primer AE1-F, AE1-R을 사용하였다. PCR 반응액은 2X PCR pre-mix 10 μL , Primer Forward (10 pmol/ μL) 1 μL , Primer Reverse (10 pmol/ μL) 1 μL , template DNA 8 μL , 최종 부피 20 μL 로 제조하였다. PCR 조건은 95°C 에서 10분간 초기 변성단계를 거치고, 95°C 에서 30초간 변성, 59°C 에서 60초간 결합, 72°C 에서 2분간 신장 순서로 35 cycle 반응시켰으며, 72°C 에서 5분간 최종 신장을 하였다.

Anaplasma spp. 검출을 위한 2차 증폭은 1차 증폭산물 1 μL , primer AP-F (10 pmol/ μL) 1 μL , AP-R (10 pmol/ μL) 1 μL 를 2X PCR pre-mix에 섞고 증류수를 추가하여 최종 부피를 20 μL 로 반응액을 제조하였으며, 95°C 에서 10분간 초기 변성 단계를 거치고, 95°C 에서 30초간 변성, 56°C 에서 30초간 결합, 72°C 에서 45초간 신장 순서로 35 cycle 반응시켰으며, 72°C 에서 5분간 최종 신장을 하였다.

Ehrlichia spp. 검출을 위한 2차 증폭은 1차 증폭산물 1 μL , primer EC-F (10 pmol/ μL) 1 μL , EC-R (10 pmol/ μL) 1 μL 를 2X PCR pre-mix에 섞고 증류수를 추가하여 최종 부피를 20 μL 로 반응액을 제조하였으며, PCR 조건은 *Anaplasma* spp.와 동일하게 수행하였다.

PCR에서 생성된 산물을 자동전기영동장비(Qiagen,

I . 연구사업

Table 1. Nucleotide sequence of PCR primers and conditions for amplification of tick-borne agents sequencing

Target species	Primer	Nucleotide sequence (5'-3')	Target gene (product size)	PCR condition			
				Denaturation(°C)	Annealing(°C)	Extension(°C)	Cycles
<i>Anaplasma</i> and <i>Ehrlichia</i> spp.	AE1-F 1st	AAGCTTAACAC ATGCAAGTCGAA	16s rRNA (1,406 bp)	95	59	72	35
	AE1-R 1st	AGTCACTGACCC AACCTTAAATG					
<i>Anaplasma</i> spp.	AP-F 2nd	GTCGAACGGATTATTC TTTATAGCTTGC	16s rRNA (926 bp)	95	56	72	35
	AP-R 2nd	CCCTTCCGTTAAGAAG GATCTAATCTCC					
<i>Ehrlichia</i> spp.	EC-F 2nd	CAATTGCTTATAACCT TTTGGTTATAAAT	16s rRNA (390 bp)	95	56	72	35
	EC-R 2nd	TATAGGTACCGTCATT ATCTTCCCTAT					
<i>Borrelia</i> spp.	132f	TGGTATGGGAG TTTCTGG	fla (774 bp)	95	50	72	30
	905r	TCTGTCAATTG TAGCATCTTT					
	220f	CAGACAACAGA GGGAAAT	fla (605 bp)	95	54	72	35
	824r	TCAAGTCTATTT TGGAAGCACC					
<i>Rickettsia</i> spp.	groEL OF	GTTGAAGTA TGTTAAAGG	groEL (534 bp)	95	44	72	30
	groEL OR	TTTTTCTTTA TTCATAATC					
	groEL OFN	GTAGTTAAAG GTATGATGTTTGATA	groEL (468 bp)	95	56	72	35
	groEL ORN	ATCTTCAATATTTTTC TTATCACCG					

Germany)를 이용하여 유전자 증폭을 확인하였다.

반응의 결과 만들어진 산물의 크기는 *Anaplasma* spp. 1차는 1,406 bp, 2차는 926 bp이었고, *Ehrlichia* spp. 1차는 1,406 bp, 2차는 390 bp이었다.

2.4.2. *Borrelia* 검출

Borrelia spp. 검출을 위하여 1차 증폭은 primer 132f, 905r을 사용하였다. PCR 반응액은 2X PCR

pre-mix 10 μ L, Primer Forward(10 pmol/ μ L) 1 μ L, Primer Reverse(10 pmol/ μ L) 1 μ L, template DNA 8 μ L, 최종 부피 20 μ L로 제조하였다. PCR 조건은 95°C에서 10분간 초기 변성 단계를 거치고, 95°C에서 30초간 변성, 50°C에서 45초간 결합, 72°C에서 45초간 신장 순서로 30 cycle 반응시켰으며, 72°C에서 5분간 최종 신장을 하였다.

2차 증폭은 1차 증폭산물 1 μ L, primer 220f

(10 pmol/ μ L) 1 μ L, 824r(10 pmol/ μ L) 1 μ L를 2X PCR pre-mix에 섞고 증류수를 추가하여 최종 부피는 20 μ L로 반응액을 제조하였으며, 95°C에서 10분간 초기 변성단계를 거치고, 95°C에서 30초간 변성, 54°C에서 30초간 결합, 72°C에서 45초간 신장 순서로 35 cycle 반응시켰으며, 72°C에서 5분간 최종 신장을 하였다.

반응의 결과 만들어진 산물의 크기는 1차는 774 bp, 2차는 605 bp이었다.

2.4.3. *Rickettsia* 검출

Rickettsia spp.의 groEL 유전자 검출을 위하여 1차 증폭은 primer OF, OR을 사용하였다. PCR 반응액은 2X PCR pre-mix 10 μ L, Primer Forward(10 pmol/ μ L) 1 μ L, Primer Reverse (10 pmol/ μ L) 1 μ L, template DNA 8 μ L, 최종 부피 20 μ L로 제조하였다. PCR 조건은 95°C에서 10분간 초기 변성단계를 거치고, 95°C에서 30초간 변성, 44°C에서 45초간 결합, 72°C에서 45초간 신장 순서로 30 cycle 반응시켰으며, 72°C에서 5분간 최종 신장을 하였다.

2차 증폭은 1차 증폭산물 1 μ L, primer OFN (10 pmol/ μ L) 1 μ L, ORN(10 pmol/ μ L) 1 μ L를 2X PCR pre-mix에 섞고 증류수를 추가하여 최종 부피는 20 μ L로 반응액을 제조하였으며, 95°C에서 10분간 초기 변성단계를 거치고, 95°C에서 30초간 변성, 56°C에서 30초간 결합, 72°C에서 45초간 신장 순서로 35 cycle 반응시켰으며, 72°C에서 5분간 최종 신장을 하였다.

반응의 결과 만들어진 산물의 크기는 1차는 534 bp, 2차는 468 bp이었다.

2.5. 염기서열 분석

PCR 산물의 염기서열 분석은 (주)바이오팩트(Daejeon, Korea)에 의뢰하여 분석하였다. *Rickettsia* spp. 검출에 groEL 유전자를 표적으로 하는 primer를 사용하였고, *Borrelia* spp. 검출에는 fla 유전자를 표적으로 하는 primer를 사용하였다. PCR 산물은 정제 후 National Center for Biotechnology Information (NCBI ; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)에서 제공하는 Blast를 이용하여 가장 가까운 원형주를 분석하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 참진드기의 종별, 지역별 및 계절별 분포 특성

채집된 참진드기는 총 6,777마리였으며, 작은소피 참진드기는 6,680마리(98.6%), 개피참진드기는 89마리(1.3%), 일본참진드기 8마리(0.1%)였다.

진드기의 지역별 채집 결과는 Table 2와 같다. 영천지역에서 작은소피참진드기 970마리(98.7%), 개피참진드기 7마리(0.7%), 일본참진드기 6마리(0.6%)가 채집되었다. 청도지역에서는 작은소피 참진드기 3,257마리(98.4%), 개피참진드기 54마리(1.6%)가 채집되었고, 일본참진드기는 채집되지 않았다. 안동지역에서는 작은소피참진드기 1,643마리(99.5%), 개피참진드기 7마리(0.4%), 일본참진드기 2마리(0.1%)가 채집되었다. 구미지역에서는 작은소피참진드기 810마리(97.5%), 개피참진드기 21마리(2.5%)가 채집되었고, 일본참진드기는 채집

I . 연구사업

Table 2. Species classification of ticks collected from four region in Gyeongbuk

Site	Species			Total
	<i>H. longicornis</i>	<i>H. flava</i>	<i>I. nipponensis</i>	
Yeongcheon	970(98.7%)	7(0.7%)	6(0.6%)	983(100%)
Chungdo	3,257(98.4%)	54(1.6%)	0	3,311(100%)
Andong	1,643(99.5%)	7(0.4%)	2(0.1%)	1,652(100%)
Gumi	810(97.5%)	21(2.5%)	0	831(100%)
Total	6,680(98.6%)	89(1.3%)	8(0.1%)	6,777(100%)

Table 3. Species classification and seasonal distribution of ticks collected from Gyeongbuk

Species	Stage	The spring (5 month)	The fall (9 month)	Total
<i>H. longicornis</i>	Adult	72(2.4%)	16(0.4%)	88(1.3%)
	Nymph	2,908(96.9%)	168(4.6%)	3,076(46%)
	Larva	20(0.7%)	3,496(95%)	3,516(52.6%)
	subtotal	3,000(97.3%)	3,680(99.6%)	6,680(98.6%)
<i>H. flava</i>	Adult	2(2.7%)	5(31.3%)	7(7.9%)
	Nymph	71(97.3%)	11(68.8%)	82(92.1%)
	Larva	0	0	0
	subtotal	73(2.4%)	16(0.43%)	89(1.3%)
<i>I. nipponensis</i>	Adult	8(100%)	0	8(100%)
	Nymph	0	0	0
	Larva	0	0	0
	subtotal	8(0.3%)	0	8(0.1%)
Total		3,081	3,696	6,777

되지 않았다. 작은소피참진드기는 4개 지역 모두에서 약 97% 이상의 높은 우점 양상을 나타내어 국내에서 가장 많이 서식하는 우점종임을 확인할 수 있었다⁹⁾.

참진드기의 계절별, 성장단계별 채집 결과는 Table 3과 같다. 채집된 6,777마리 중 봄철(5월)에는 3,081마리, 가을철(9월)에는 3,696마리였다. 봄철(5월) 채집된 참진드기 3,081마리 중에서 성충은 82마리(2.7%), 약충은 2,979마리(96.7%), 유충은 20마리(0.6%)가 채집되었고, 가을철(9월)에 채집

된 참진드기 3,696마리 중에서 성충은 21마리(0.6%), 약충은 179마리(4.8%), 유충은 3,496마리(94.6%)가 채집되었다. 봄철(5월)에 채집한 진드기는 대부분 약충, 가을철(9월) 채집한 진드기는 대부분 유충으로 계절에 따라 성장단계별 개체수에 차이가 있었다.

국내 참진드기의 성장단계별 밀도 양상은 봄철은 약충, 늦봄부터 여름철은 성충, 초가을은 유충이 주로 채집되는 것으로 알려져 있으며^{10,11)}, 본 연구에서도 비슷한 결과를 확인하였다.

Table 4. Results of tick-borne pathogen PCR for tick species and stages of development collect in Gyeongbuk

Site	Species	Stage	No. ticks	No. pools	No. of infected pools			
					<i>Rickettsia</i> spp.	<i>Borrelia</i> spp.	<i>Anaplasma</i> spp.	<i>Ehrlichia</i> spp.
Yeongcheon	<i>H. longicornis</i>	Adult	5	2	0	0	0	0
		Nymph	451	16	2	0	0	0
		Larva	514	11	1	0	0	0
	<i>H. flava</i>	Adult	6	2	0	0	0	0
		Nymph	1	1	1	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	<i>I. nipponensis</i>	Adult	6	2	0	0	0	0
		Nymph	0	0	0	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	subtotal		983	34	4	0	0	0
Chungdo	<i>H. longicornis</i>	Adult	44	10	0	0	0	0
		Nymph	2,031	68	33	0	0	0
		Larva	1,182	25	4	3	0	0
	<i>H. flava</i>	Adult	1	1	0	0	0	0
		Nymph	53	3	6	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	<i>I. nipponensis</i>	Adult	0	0	0	0	0	0
		Nymph	0	0	0	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	subtotal		3,311	107	43	3	0	0
Andong	<i>H. longicornis</i>	Adult	10	2	1	0	0	0
		Nymph	313	12	2	0	0	0
		Larva	1,320	27	16	0	0	0
	<i>H. flava</i>	Adult	0	0	0	0	0	0
		Nymph	7	1	0	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	<i>I. nipponensis</i>	Adult	2	1	0	0	0	0
		Nymph	0	0	0	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	subtotal		1,652	43	19	0	0	0
Gumi	<i>H. longicornis</i>	Adult	29	6	2	0	0	0
		Nymph	281	11	1	0	0	0
		Larva	500	10	3	0	0	0
	<i>H. flava</i>	Adult	0	0	0	0	0	0
		Nymph	21	1	1	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	<i>I. nipponensis</i>	Adult	0	0	0	0	0	0
		Nymph	0	0	0	0	0	0
		Larva	0	0	0	0	0	0
	subtotal		831	28	7	0	0	0
Total			6,777	212	73	3	0	0
MIR*					1.1%	0.04%		

MIR*, Minimum infection rate per 100 ticks (number of positive pools/total number of tick × 100)

3.2. 병원체 검출

채집한 진드기 총 6,777마리에서 212건을 pooling 하여 진드기 매개 병원체를 검출한 결과는 Table 4와 같다.

Rickettsia spp.은 212 pools 중에서 73 pools가 검출되어 1.1%의 최소 감염률(MIR)을 나타내었다.

계절별로는 봄철(5월) 41 pools, 가을철(9월) 32 pools에서 검출되었다(Fig. 3). 지역별로는 영천 지역 4 pools 중 작은소피참진드기 약충에서 2 pools, 유충에서 1 pool, 개피참진드기 약충에서 1 pool이 검출되었다. 청도지역은 43 pools 중 작은소피참진드기 약충에서 33 pools, 유충에서 4 pools, 개피

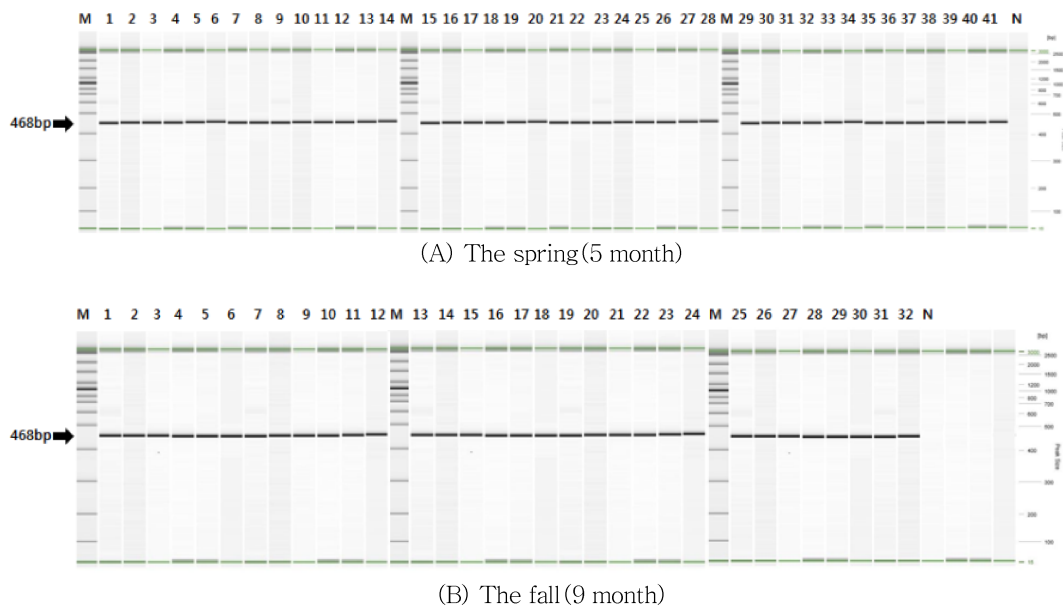


Fig. 3. Electrophoresis analysis results of *Rickettsia* spp..

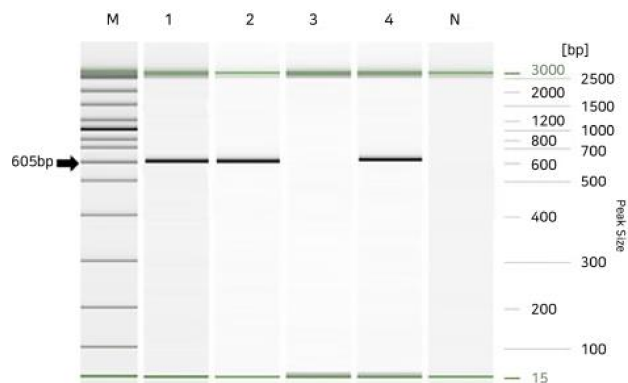


Fig. 4. Electrophoresis analysis results of *Borrelia* spp. (The fall, 9 month).

경북 4개 지역 중 청도지역에서 43 pools로 가장 많이 검출되었는데, 이는 지역에 따라 서식하는 숙주 동물의 특성과 식생에 따라 참진드기의 개체군 밀도가 높아질 수 있는 점을 비추어 볼 때¹²⁾, 채집 장소의

Borrelia spp.은 3 pools에서 검출되어 0.04%의 최소 감염률(MIR)을 나타내었고, 청도지역 가을철(9월)에 채집한 작은소피참진드기 유충에서만 검출되었다(Fig. 4). 국내에서 라임병 병원체는 1993년 진드기 및 야생 쥐로부터 처음 분리되었으며 2012년 강원도에서 진드기에 물린 내원 환자에서 유주상 홍반, 발열, 오한을 동반한 임상증상과 혈청학적 검사 결과 라임병으로 처음 발생 보고된 바 있다¹³⁾. 또한 김 등¹⁴⁾의 연구에 의하면 전북 지역에서 채집된 일본 참진드기에서 *Borrelia* spp.의 검출을 보고하였다.

(A) *Rickettsia* spp.

(B) *Borrelia* spp.

반면 본 연구에서는 작은소피참진드기에서만 *Borrelia* spp.이 검출되어 김 등¹⁴⁾의 결과와 차이가 있었다. 이는 주로 *Borrelia* spp.을 매개한다고 알려진 일본 참진드기의 채집된 개체수가 작은소피참진드기의 개체수보다 상대적으로 적었던 이유로 생각된다. 본 연구에서 국내 우점종인 작은소피참진드기에서의 병원체 보유 결과는 국내에서의 라임병 유행 발생 가능성에 대비하여 폭넓은 관리의 필요성에 대한 근거를 제공해 줄 것으로 생각된다.

이번 연구에서 *Anaplasma* spp.와 *Ehrlichia* spp.은 검출되지 않았지만, 참진드기 서식에 유리한 환경으로의 변화로 인해 언제든지 진드기 매개 병원체의 유행이 일어날 수 있으므로¹⁵⁾ 지속적인 관리가 필요할 것으로 판단된다.

3.3. 염기서열 분석

PCR 검사 결과 양성으로 확인된 *Rickettsia* spp. 73 pools에 대한 염기서열 분석 결과 *Rickettsia japonica* strain LA4/2015 chromosome과 가장 유사(99%)한 것으로 나타났다. *Rickettsia japonica* 검출은 국내에서 채집된 진드기로부터 높은 빈도를 나타낸다는 Lee 등¹⁶⁾의 연구 결과와 유사하였다.

Borrelia spp. 3 pools은 *Borrelia lonestari* 16S rRNA와 가장 유사(95%)한 것으로 나타났다 (Fig. 5). 라임병을 매개하는 병원체는 현재 약 21종의 다양한 종들이 있으며, 대표적인 3개의 종으로는 *Borrelia burgdoferi*, *Borrelia garinii*, *Borrelia afzelii*로 알려져 있고, 이외에도 다양한 종들이 사람에게 감염 가능한 것으로 보고되어 있다^{17,18)}. 특히 국내에서 채집한 진드기에서 *B.*

burgdoferi, *B. afzelii*가 높은 빈도로 검출되었다고 알려져 있으나^{19,20)}, 본 연구에서는 그와 다른 종인 *B. lonestari*이 검출되어 다소 차이가 있었다. 이는 본 연구에서 채집된 진드기 개체수 중 *B. burgdoferi*을 주로 매개한다고 알려진^{21,22)} 일본참진드기와 산림 참진드기의 개체수가 적거나 채집되지 않아서 나타난 결과로 사료된다.

4. 결론

2018년 5월과 9월에 경북 4개 지역에서 채집된 진드기는 총 6,777마리로, 봄철(5월) 3,081마리, 가을철(9월) 3,696마리였으며, 봄철에는 약충이 가을철에는 유충이 많이 채집되는 경향을 보였다. 지역별로는 영천 983마리, 청도 3,311마리, 안동 1,652마리, 구미 831마리를 채집하였다.

참진드기 종별 분류 결과 작은소피참진드기 6,680마리(98.6%), 개피참진드기 89마리(1.3%), 일본참진드기가 8마리(0.1%)였으며, 지역별로는 영천 970마리, 청도 3,257마리, 안동 1,643마리, 구미 810마리로, 네 지역 모두에서 작은소피참진드기가 우점종으로 나타났다.

병원체 검출 결과 *Rickettsia* spp.은 73 pools가 검출되어 1.1%의 최소감염률(MIR)을, *Borrelia* spp.은 3 pools가 검출되어 0.04%의 최소감염률(MIR)을 나타냈다. 지역별 병원체 검출 결과 영천 지역은 *Rickettsia* spp. 4 pools, 청도지역은 *Rickettsia* spp. 43 pools, *Borrelia* spp. 3 pools, 안동지역은 *Rickettsia* spp. 19 pools, 구미지역은 *Rickettsia*

spp. 7 pools가 검출되었다.

염기서열 분석 결과는 *Rickettsia* spp. 73 pools은 *Rickettsia japonica* strain LA4/2015 chromosome와 가장 유사(99%)한 것으로 나타났고, *Borrelia* spp. 3 pools는 *Borrelia lonestari* 16S rRNA와 가장 유사(95%)한 것으로 나타났다.

본 연구는 우리나라의 기후 온난화로 인한 진드기 서식에 유리한 환경으로의 변화로 진드기 매개 질병 유행에 대비하여 경북지역 참진드기의 종별, 지역별 및 계절별 분포와 병원체 검출 결과를 분석하여 참진드기 매개 질환의 유행예측을 위한 자료로 제공하고자 한다.

참 고 문 헌

1. Kate E. Jones, Nikkita G. Patel, Marc A. Levy, Adam Storeygard, Deborah Balk, John L. Gittleman and Peter Daszak, "Global trends in emerging infectious diseases", *Nature*, **451**, pp.990~993(2008).
2. k. L. Lee, I. J. Baek, k. J. Song, D. Young and W. Ho, "Seroepidemiologic study of Hemorrhagic fever with renal syndrome, Scrub typhus, Murine typhus, spotted fever and Leptospirosis in Korea 1991", *Korea University Medical Journal*, **31**(1), pp.73~88(1994).
3. S. O. Lee, D. K. Na, C. M. Kim, Y. H. Lee, Y. H. Cho, J. H. Park, J. H. Lee, S. K. Eo, Terry A. Klein and J. S. Chae, "Identification and prevalence of Ehrlichia chaffeensis infection in Haemaphysalis longicornis ticks from Korea by PCR, sequencing and phylogenetic analysis based on 16S rRNA gene", *J. Vet. Sci.*, **6**(2), pp.151~155 (2005).
4. O. Kahl, C. Janetzki, J. S. Gray, J. Stein and R. J. Bauch, "Tick infection rates with Borrelia: Ixodes ricinus versus Haemaphysalis concinna and Dermacentor reticulatus in two locations in eastern Germany", *Medical and Veterinary Entomology*, **6**(4), pp.363~366(1992).
5. H. Inokuma, K. Ohno, T. Onishi, D. Raoult and P. Brouqui, "Detection of ehrlichial infection by PCR in dogs from Yamaguti and Okinawa Prefectures", *J. Vet. Med. Sci.*, **63**, pp.815~817(2001).
6. C. M. Kim, M. S. Kim, M. S. Park, J. H. Park and J. S. Chae, "Identification of Ehrlichia chaffeensis, Anaplasma phagocytophilum, and A. bovis in Haemaphysalis longicornis and Ixodes persulcatus ticks from Korea.", *Vector Borne Zoonotic Dis.*, **3**, pp.17~26(2003).
7. P. A. Rosa, D. Hogan and T. G. Schwan, "Polymerase chain reaction analyses identify two distinct classes of Borrelia burgdorferi", *J. Clin. Microbiol.*, **29**, pp.524~532(1991).
8. C. M. Kim, Y. H. Yi, D. H. Yu, M. J. Lee, M. R. Cho and A. R. Desai, "Tickborne rickettsia pathogens in ticks and small mammals in Korea", *Appl. Environ. Microbiol.*, **72**, pp.5766~5776(2006).
9. S. C. Yang, W. G. Lee and Y. R. Ju, "Hard tick bite cases and distribution in the Republic of Korea (2013~2015)", *주간건강과 질병*, **9**(52), pp.1054~1059(2016).
10. S. Y. Kim, J. Y. Roh, H. S. Lee, H. W. Lim and S. H. Cho, "Density and SFTS virus infection rates of ixodid ticks in Gochang-gun, Jeollabuk-do, South

- Korea, 2016”, *Korea Centers for Disease Control and Prevention (KCDC)* (2017).
11. 노운태, 김수연, 이승훈, 송봉구, “강원과 제주의 참진드기 매개질환 병원체의 분자생물학적 조사”, *주간 건강과 질병*, **7**(48), pp.1071~1076(2014).
12. 문봉춘(2010). 제주지역 참진드기(Acari: Ixodidae) 분포조사 및 *Haemaphysalis* 종에 대한 *Rickettsia* 병원체 동정과 계통발생학적 분석, 박사학위논문, 제주대학교.
13. S. J. Moon, J. Gwack, K. J. Hwang, D. H. Kwon, S. Y. Kim, Y. T. Noh, J. Y. Roh, E. H. Shin, K. J. Jeong, W. S. Seok and S. K. Youn, “Autochthonous Lyme Borreliosis in Humans and Ticks in Korea”, *Osong Public Health Res. Perspect.*, **4**(1), pp.52~56(2013).
14. 김천현, 진찬문, 김윤정, 노경우, 박종호, 나문수, 김진태, “전북지역 참진드기 매개질환 병원체에 대한 감염실태 연구”, *전라북도 보건환경연구원보* **25**, pp.3~31(2016).
15. 신재승, 박지혁, 권동혁 등 질병관리본부 감염병 관리센터 역학조사과, “국내 중증열성혈소판감소 증후군의 발생현황과 역학적 특징(Epidemiologic and clinical characteristics of severe fever with thrombocytopenia syndrome in the Republic of Korea)”, *주간 건강과 질병*, **3**(2014).
16. I. Y. LEE, “Hard tick”, *AMIB Newsletter*, **7**, pp.1~4(2013).
17. Maria E. Aguero-Rosenfeld, Guiqing Wang, Ira Schwartz and Gary P. Wormser, “Diagnosis of Lyme Borreliosis”, *Clinical Microbiol. Rev.*, **19**(3), pp.84~509 (2005).
18. B. S. Schneider, M. E. Schrieffer, G. Dietrich, M. C. Dolan, M. G. Morshed and N. S. Zeidner, “Borrelia bissettii isolates induce pathology in a murine model of disease”, *Vector-Borne Zoonotic Dis.*, **8**(5), pp.623~634 (2008).
19. S. T. Chong, H. C. Kim, I. Y. Lee, T. M. Kollars Jr, A. R. Sancho, W. J. Sames, J. S. Chae and T. A. Klein, “Seasonal distribution of ticks in Gyeonggi-do (Province) Republic of Korea”, *Korean. J. Parasitol.*, **51**, pp.319~325(2013).
20. J. Jiang, P. J. Blair, V. Felices, C. Moron, M. Cespedes, E. Anaya, “Phylogenetic analysis of a novel molecular isolate of spotted fever group Rickettsiae from northern Peru: Candidatus Rickettsia andeanae”, *Ann. NY. Acad. Sci.*, **63**, pp.337~342(2005).
21. 김종배, 송혜원, 박성언, 박상욱, 안준환, 엄용빈, 김영미, “국내에서 채집한 진드기에서 중합효소연쇄반응을 이용한 라임 병균 및 Ehrlichiosis 원인체의 검출”, *대한의생명과학회지*, **4**(2), pp.113~120 (1998).
22. S. H. Kee, K. J. Hwang, H. B. Oh, K. S. Park, “Retrospective Survey of Antibody Response against Borrelia burgdorferi in Febrile Patients in 1990”, *J. Korean. Soc. Microbiol.*, pp.463~471(1993).