

참진드기 매개 감염성 병원체의 유전적 다양성 분석

차성경 · 손영희 · 박윤지 · 송다영 · 강선희 · 김사라 · 정혜진

바이러스분석과

Prevalence of Tick-borne Infectious Pathogens in Ticks Collected from Gyeongju and Yeongcheon, Republic of Korea

S. K. Cha, Y. H. Sohn, Y. J. Park, D. Y. Song, S. H. Kang, S. R. Kim, H. J. Jung

Viral Disease Division

Abstract

Ticks have been associated with the transmission of various zoonotic pathogens, including Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome (SFTS). Characterized by its annual incidence and high mortality rate, SFTS is particularly prevalent in Gyeongsangbuk-do, which reports the highest infection rates. To facilitate proactive surveillance and the prevention of infectious diseases, we monitored tick-borne pathogens and their prevalence in high-risk areas within Gyeongsangbuk-do, specifically in Gyeongju and Yeongcheon. In this study, a total of 15,350 ticks were collected in 2024 and screened for eight pathogens, including the SFTS virus (SFTSV), Tick-Borne Encephalitis Virus, *Coxiella*, *Borrelia*, *Rickettsia*, *Bartonella*, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* genus. The screening results revealed the presence of SFTSV, *Coxiella burnetii*, *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp., *Anaplasma* spp., and *Ehrlichia* spp. were detected in 674 of the pooled tick samples. This finding underscores the ongoing risk posed by multiple tick-borne pathogens in the region. The outcomes of this study highlight the critical need for continuous and systematic tick surveillance to enhance the prevention of tick-borne infectious diseases. By providing valuable data on pathogen prevalence, this research supports the development of targeted public health interventions and strategies aimed at reducing the incidence of tick-borne diseases in endemic areas.

Key words : Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, SFTS, tick, pathogen

I. 연구사업

1. 서론

진드기는 사람과 동물 간의 질병 전파에 관여하는 주요 매개체이며 다양한 감염 질환을 일으킬 수 있다. 특히 중증열성혈소판감소증후군(Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, SFTS)은 2011년 중국에서 처음 확인된 이후 국내에서도 매년 지속적으로 환자가 발생하고 있다. SFTS의 주요 매개 종으로 알려진 작은소피참진드기는 국내 서식 중인 참진드기의 우점종으로 알려져 있으며 성장단계마다 흡혈과 탈피를 반복하며 성장한다. 흡혈을 할 때 숙주에 다양한 병원체의 감염을 일으키며 SFTS 외에도 진드기매개 뇌염(TBE), 큐열, 라임병, 홍반열군 리케치아 감염증, 아나플라즈마증, 에를리치아증 등 다양한 질병을 매개하는 것으로 알려져 있다. 이들 병원체는 각각 고열, 출혈, 신경계 손상, 심혈관계 질환 등 다양한 임상 증상을 유발하며, 때로는 치명적인 결과를 초래할 수 있다.

경상북도는 최근 5년간(2019~2024) 평균 SFTS 환자 발생수가 전국에서 2위(25.4명)로 발생률이 높은 지역이다. 또한 경북의 기후적·지리적 특성 등으로 진드기 서식에 적합한 환경이 조성되어 있고 농업과 관련된 활동이 활발한 지역 특성상 진드기에 노출될 가능성이 높다. 따라서 SFTS 감염 확산 방지하고 진드기 매개로 발생할 수 있는 다양한 질병을 조기에 예방하고 효율적인 방역 전략 수립에 대한 기초 정보를 제공하는 것이 중요하다.

본 연구에서는 참진드기의 병원체 감염률 분석을 통해 진드기가 매개하는 병원체 연구에 대한 기초자료를 제공하고 감염병 관리 및 예방에 대한 실질적인 데이터를 제공하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1. 참진드기 채집

SFTS 환자 발생이 다수 보고된 경주와 영천 지역 내의 4개 지점(경주 건천읍·서악동, 영천 금호읍·북안면)에서 진드기와 접촉할 가능성이 높은 4개 환경(초지, 산길, 무덤, 잡목림)을 선정하였다. 2024년 4월부터 11월까지 매월 드라이아이스 유인트랩(dry ice bait trap)을 설치하여 진드기 채집을 실시하였다.

2.2. 참진드기 종 분류 동정

채집한 참진드기는 실체현미경(Nikon)을 이용하여 Yamagutsi 등(1971)이 제시한 검색표에 따라 종별, 성장단계별, 성별로 동정하였다.

2.3. 진드기 파쇄 및 핵산 추출

채집한 참진드기는 월별, 지역별, 종별로 분류한 후 성충은 최대 10개체, 약충은 최대 30개체, 유충은 최대 50개체씩 구분하여 2.8 mm ceramic beads가 들어있는 튜브(Bertin)에 담아 pooling 하였다. 이후 튜브에 멸균한 phosphate buffered saline (PBS) 600 uL를 넣고 분쇄기인 Precellys (Bertin)를 이용하여 7,500 rpm으로 30초씩 3회 파쇄한 후 10,000 rpm에서 5분간 원심분리한 후 상층액을 핵산 추출에 사용하였다.

핵산 추출은 QIAasympyphony RNA/DNA extraction mini kit (QIAGEN)를 사용하여 제조사가 제시하는 방법에 따라 수행하였다.

2.4. 진드기 내 병원체 유전자 검출

2.4.1. SFTSV 및 TBEV 유전자 검출

참진드기 유제액에서 추출한 핵산을 사용하여 POBGEN™ SFTS/Tickborne Encephalitis Virus Detection kit (POSTBIO)를 이용하여 real-time RT-PCR로 유전자 증폭을 확인하였다. 유전자 증폭이 확인된 검체는 Table 1의 조건에 따라 증폭 여부를 확인하였다.

2.4.2. *Coxiella burnetii* 및 *Borrelia* spp. 유전자 검출

참진드기 유제액에서 추출한 핵산을 사용하여 POBGEN™ Q Fever/Lyme Disease Detection kit (POSTBIO)를 이용하여 real-time PCR로 유전자 증폭을 확인하였다. 유전자 증폭이 확인된 검체는 Table 1의 조건에 따라 증폭 여부를 확인하였다.

2.4.3. *Rickettsia* spp. 및 *Bartonella* spp. 유전자 검출

참진드기 유제액에서 추출한 핵산을 사용하여 POBGEN™ Rickettsia/Bartonella Detection kit (POSTBIO)를 이용하여 real-time PCR로 유전자 증폭을 확인하였다. 유전자 증폭이 확인된 검체는 Table 1의 조건에 따라 증폭 여부를 확인하였다.

2.4.4. *Anaplasma* spp. 및 *Ehrlichia* spp. 유전자 검출

*Anaplasma*속 및 *Ehrlichia*속 검출을 위해 참진드기 유제액에서 추출한 핵산을 template로 사용하고 Table 1의 primer AE1-F와 AE1-R을 사용하여 PCR을 수행하였다. 20 uL PCR 반응액 제조를 위해 2X PCR premix 10 uL와 AE1-F (10 pmol/uL) 1 uL, AE1-R (10 pmol/uL) 1 uL, template 8 uL을 혼합하였다. PCR 조건은 Predenaturation (95°C, 10 min) - Amplification (95°C/30 sec, 59°C/1 min, 72°C/1 min) 35 cycle - Final extension (72°C, 5 min) 으로 수행하였다. 전자동전기영동으로 확인한 PCR product의 크기는 1,406 bp 였다.

*Anaplasma*속과 *Ehrlichia*속 검출을 위한 2차 증폭은 1차 증폭산물 1 uL와 각각 primer AP-F와 AP-R, EC-F와 EC-R를 사용하여 PCR 반응액을 제조하였다. PCR 조건은 Predenaturation (95°C, 10 min) - Amplification (95°C/30 sec, 56°C/30 sec, 72°C/45 sec) 35 cycle - Final extension (72°C, 5 min)으로 동일하게 수행하였다. 전자동전기영동으로 확인한 PCR product의 크기는 *Anaplasma*속이 926 bp, *Ehrlichia*속 390 bp 였다.

2.4.5. Sequencing을 이용한 분석

SFTSV의 전체염기서열 확인을 통해 국내분리 주와의 염기서열 및 계통유연관계 분석을 수행하였다.

I. 연구사업

Table 1. The primers for the detection of tick-borne pathogens

Target species	Primer	Nucleotide sequence (5' → 3')	Target gene (product size)
SFTSV	MF3	GATGAGATGGTCCATGCTGATTCT	M segment (560 bp)
	MR2	CTCATGGGGTGGAATGTCCTCAC	
<i>Coxiella burnetii</i>	IS111F1	TACTGGGTGTTGATATTGC	htpAB (485 bp)
	IS111R1	CCGTTTCATCCGCGGTG	
	IS111F2	GTAAAGTGATCTACACGA	htpAB (260 bp)
	IS111R2	TTAACAGCGCTTGAACGT	
<i>Borrelia</i> spp.	132F	TGGTATGGGAGTTTCTGG	fla (774 bp)
	905R	TCTGTCATTGTAGCATCTTT	
	220F	CAGACAACAGAGGGAAAT	fla (605 bp)
	824R	TCAAGTCTATTTTGGAAAGCACC	
<i>Rickettsia</i> spp.	groEL OF	GTTGAAGTATGTAAAGG	groEL (534 bp)
	groEL OR	TTTTTCTTTATTCATAATC	
	groEL OFN	GTAGTTAAAGGTATGATGTTTGATA	groEL (468 bp)
	groEL ORN	ATCTTCAATATTTTCTTATCACCG	
<i>Anaplasma/Ehrlichia</i> spp.	AE1-F	AAGCTTAACACATGCAAGTCGAA	16S rRNA (1406 bp)
	AE1-R	AGTCACTGACCCAACCTTAAATG	
<i>Anaplasma</i> spp.	AP-F	GTCGAACGGATTATTCTTTATAGCTTGC	16S rRNA (926 bp)
	AP-R	CCCTTCCGTTAAGAAGGATCTAATCTCC	
<i>Ehrlichia</i> spp.	EC-F	CAATTGCTTATAACCTTTTGGTTATAAAT	16S rRNA (390 bp)
	EC-R	TATAGGTACCGTCATTATCTTCCCTAT	

3. 결과 및 고찰

3.1. 진드기 분류 및 동정

2024년 4월부터 11월까지 4종 15,350개체의 참진드기를 채집하였으며 분류 동정이 불가능한 유충 12,358개체를 제외하고 채집된 참진드기의 종별 분포는 작은소피참진드기(*Haemaphysalis longicornis*) 2,759개체(18.0%), 개피참진드기(*H. flava*) 85개체(0.6%), 뭇뚝참진드기(*Amblyomma testudinarium*) 109개체(0.7%), 일본참진드기(*Ixodes nipponensis*) 39개체(0.3%) 순이었다(Table 2).

채집 지역별로 비교해봤을 때, 경주 지역에서는 총 6,125개체가 채집되었으며 작은소피참진드기가 1,042개체(17.0%), 개피참진드기 53개체(0.9%), 뭇뚝참진드기 100개체(1.6%), 일본참진드기 13개체(0.2%), 유충 4,917개체(80.3%)로 확인

되었다. 영천 지역에서는 총 9,225개체가 채집되었으며 작은소피참진드기가 1,717개체(18.6%), 개피참진드기 32개체(0.3%), 뭇뚝참진드기 9개체(0.1%), 일본참진드기 26개체(0.3%), 유충 7,441개체(80.7%)로 확인되었다(Table 2, Fig. 1.).

월별 채집 진드기를 성장단계별로 비교한 결과, 5월에 약충과 성충의 채집 개체수가 증가하여 4월(총 81개체) 대비 총 채집 개체수가 1,157개체로 증가하기 시작하였고, 6월에는 성충 채집 개체수가 증가한 반면 약충 채집 개체수는 전월 대비 감소하여 총 850개체가 채집되었다. 7월부터는 유충이 채집되기 시작하여 월 채집 개체수가 1,311개체로 증가하였고, 8월에는 감시 기간 중 총 6,033개체로 가장 많이 채집되었으며 유충이 5,889개체로 채집된 개체의 97.6%를 차지하였다. 9월까지는 유충(5,208개체)이 많이 채집되어 총 5,624개체가 채집되었으며 10월부터는 개체수가 급감하여 총 274개체, 11월에는 20개체가 채집되었다(Table 3).

Table 2. Species classification of ticks collected from Gyeongju and Yeongcheon in Gyeongsangbuk-do

Region	Species					Total (%)
	<i>H. longicornis</i>	<i>H. flava</i>	<i>A. testudinarium</i>	<i>I. nipponensis</i>	Larvae	
Yeongcheon	1,717 (18.6)	32 (0.3)	9 (0.1)	26 (0.3)	7,441 (80.7)	9,225 (100.0)
Gyeongju	1,042 (17.0)	53 (0.9)	100 (1.6)	13 (0.2)	4,917 (80.3)	6,125 (100.0)
Total (%)	2,759 (18.0)	85 (0.6)	109 (0.7)	39 (0.3)	12,358 (80.5)	15,350 (100.0)

I. 연구사업

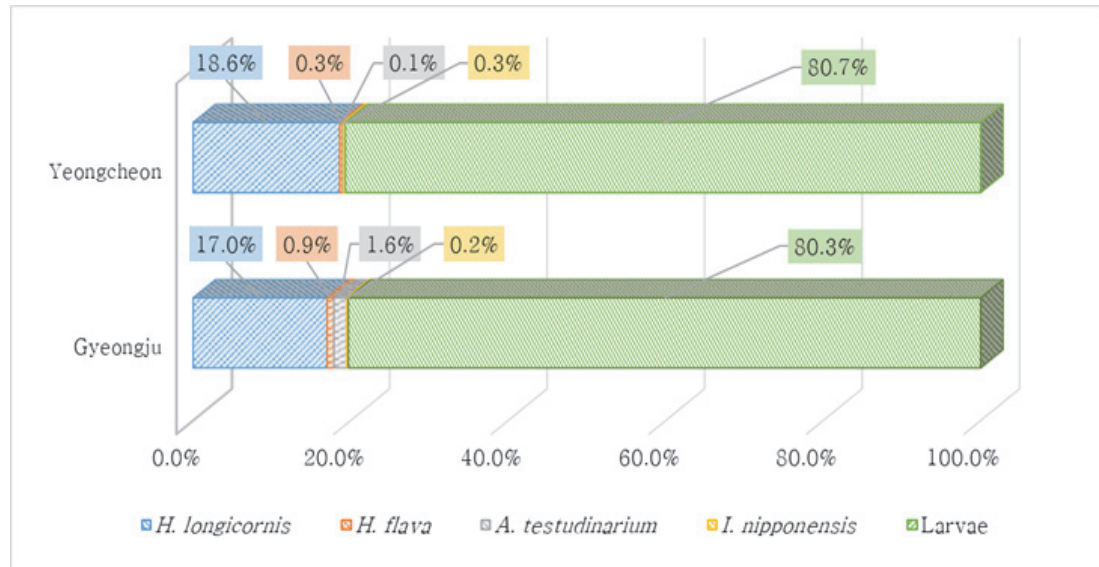


Fig. 1. Regional distribution of ticks collected in Gyeongju and Yeongcheon.

성장단계별로 비교해봤을 때, 성충은 5월부터 7월까지 주로 채집되다가 8월부터 채집량이 감소하는 경향을 보였으며 6월에 445개체로 가장 많이 채집되었다. 약충의 경우 5월에 828개체로 가장 많이 채집되다가 7월부터 채집량이 급감하다가 9월에 407개체로 채집량이 증가하다가 이후 급감하는 경향을 나타냈다. 유충의 경우 7월부터 채집량이 증가하기 시작하다가 8월부터 9월에 5,000개체 이상이 채집되었고 10월부터 급감하는 경향을 나타냈다(Table 3, Fig. 2.).

서식환경별 조사 결과, 경주는 무덤가에서 3,794개체, 잡목림 1,581개체, 초지 420개체, 산길 330개체 순으로 채집되었다. 영천은 무덤가에서 5,261개체, 초지 1,711개체, 잡목림 1,239개체, 산길

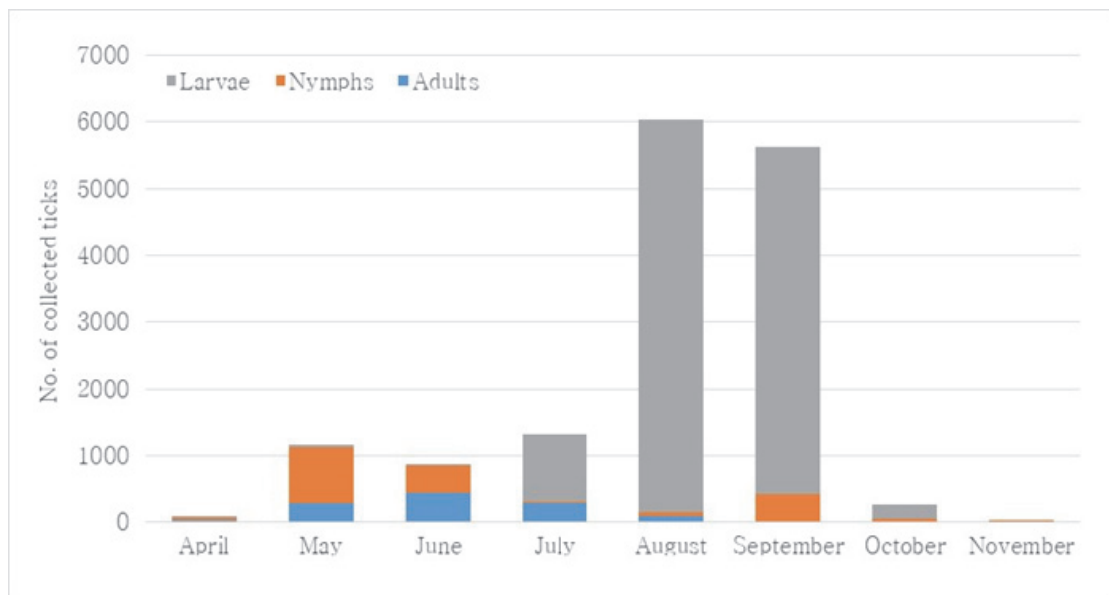
1,014개체가 채집되었다. 두 지역 모두 4개 환경 중 무덤가에서 채집된 진드기 비율이 가장 높았으며 산길에서 채집된 개체수가 가장 적었다(Table 4).

3.2. 진드기 내 병원체 검출 결과

채집한 참진드기 15,350마리를 월별, 종별, 성장단계별로 pooling하여 총 674건의 병원체 유전자 검출 결과 SFTSV 2건, *Coxiella burnetii* 4건, *Borrelia* spp. 24건, *Anaplasma* spp. 49건, *Ehrlichia* spp. 9건, *Rickettsia* spp. 494건이 검출되었다(Table 6).

Table 3. Monthly number of adults, nymphs, and larvae ticks collected in Gyeongsangbuk-do

Month	Developmental stage			Total number of ticks
	Adults	Nymphs	Larvae	
April	25	44	12	81
May	296	828	33	1,157
June	445	402	3	850
July	287	23	1,001	1,311
August	92	52	5,889	6,033
September	9	407	5,208	5,624
October	17	32	225	274
November	16	4	0	20
Total	1,187	1,792	12,371	15,350

**Fig. 2.** Monthly distribution and developmental stage (adults, nymphs and larvae) of ticks collected in Gyeongju and Yeongcheon.

I. 연구사업

Table 4. Environmental distribution and developmental stage classification of ticks collected from two regions

Region	Site	Developmental stage			Total number of ticks
		Adults	Nymphs	Larvae	
Gyeongju	meadow	115	221	84	420
	mountain path	46	56	228	330
	graveyard	71	178	3,545	3,794
	bush	167	353	1,061	1,581
	Subtotal	399	808	4,918	6,125
Yeongcheon	meadow	386	737	588	1,711
	mountain path	147	72	795	1,014
	graveyard	75	88	5,098	5,261
	bush	180	87	972	1,239
	Subtotal	788	984	7,453	9,225
Total (%)		1,187 (7.7)	1,792 (11.7)	12,371 (80.6)	15,350 (100.0)

SFTSV와 *Coxiella burnetii*, *Ehrlichia*속은 모두 작은소피참진드기 암컷 pool에서 검출되었으며 *Borrelia*속은 작은소피참진드기(암컷, 수컷, 약충)와 일본참진드기(암컷, 약충), 유충 pool에서 검출되었다. *Anaplasma*속은 작은소피참진드기 암컷과 일본참진드기 수컷, 유충 pool에서, *Rickettsia*속은 모든 종과 성장단계 pool에서 검출되었다.

4. 결론

경북 경주, 영천 지역에서 2024년 4월부터 11월까지 채집된 참진드기 15,350개체 중 유충

(12,358개체, 80.5%)을 제외하고 작은소피참진드기의 비중이 가장 커서 우점종임을 확인하였다.

채집한 참진드기 15,350개체를 대상으로 병원체 유전자 검출 검사를 수행한 결과 TBEV와 *Bartonella* spp.를 제외한 모든 병원체가 검출되었다.

총 채집 개체수(15,350개체) 중 검출된 pool 수의 비율을 나타내는 최소감염률(MIR, %)은 각각 SFTSV 0.013%, *Coxiella burnetii* 0.026%, *Borrelia* spp. 0.156%, *Anaplasma* spp. 0.319%, *Ehrlichia* spp. 0.059%, *Rickettsia* spp. 3.218%이다(Table 6). 본 연구 결과는 진드기의 병원체 최소감염률에

Table 5. Monthly distribution of ticks collected in Gyeongsangbuk-do

Month	Species					Total number of ticks
	<i>H. longicornis</i>	<i>H. flava</i>	<i>A. testudinarium</i>	<i>I. nipponensis</i>	Larvae	
Apr	53	1	13	2	12	81
May	1,022	11	82	10	32	1,157
Jun	831	4	11	1	3	850
Jul	305	2	3	4	997	1,311
Aug	143	1	0	7	5,882	6,033
Sep	402	13	0	2	5,207	5,624
Oct	3	43	0	3	225	274
Nov	0	10	0	10	0	20
Total (%)	2,759 (18.0)	85 (0.6)	109 (0.7)	39 (0.3)	12,358 (80.5)	15,350 (100.0)

Table 6. Prevalence of pathogens in field-collected ticks in Gyeongsangbuk-do

	SFTSV	TBEV	<i>Coxiella burnetii</i>	<i>Borrelia</i> spp.	<i>Anaplasma</i> spp.	<i>Ehrlichia</i> spp.	<i>Rickettsia</i> spp.	<i>Bartonella</i> spp.	Total
No. of pools	2	0	4	24	49	9	494	0	582
MIR (%)	0.013	0	0.026	0.156	0.319	0.059	3.218	0	-

대한 다른 연구 결과¹⁴⁾(*Borrelia* spp. 0.22~1.06%, *Anaplasma* spp. 0.20~5%)와 유사한 경향을 나타냈다.

진드기 매개 감염병은 지속적으로 발생하고 있고 그 중 SFTS는 사망률이 높은 질병으로 농·임업에 종사하는 도민들의 진드기에 대한 관심도

가 높다. 따라서 이번 연구를 통해 진드기 서식이 유리한 환경별로 진드기 분포를 예측하였으며 지속적인 모니터링과 방역 활동을 위한 기초자료 제공에 기여하고자 하였다. 본 연구를 통해 참진드기 매개 감염병의 역학조사와 감염병 발생을 낮추는데 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

참 고 문 헌

1. Chong, S. T., Kim, H. C., Lee, I. Y., Kollars Jr, T. M., Sancho, A. R. Sames, W. J., ... & Klein, T. A., "Seasonal distribution of ticks in four habitats near the demilitarized zone, Gyeonggi-do (Province), Republic of Korea", *The Korean Journal of Parasitology*, 51(3), 319(2013).
2. Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P., "Global trends in emerging infectious diseases", *Nature*, 451(7181), 990-993(2008).
3. Noh, B. E.(2019). "Geographical Distribution and Relative Abundance of Hard Ticks in the Republic of Korea", Department of Health Sciences Graduate School, Kosin University, Korea.
4. Yun, S. M., Song, B. G., Choi, W., Park, W. I., Kim, S. Y., Roh, J. Y., & Shin, E. H., "Prevalence of tick-borne encephalitis virus in Ixodid ticks collected from the Republic of Korea during 2011-2012". *Osong Public Health and Research Perspectives*, 3(4), 213-221(2012).
5. Kim, K. H., Yi, J., Kim, G., Choi, S. J., Jun, K. I., Kim, N. H., ... & Oh, M. D., "Severe fever with thrombocytopenia syndrome, South Korea, *Emerging infectious diseases*, 19(11), 1892(2013).
6. Parola, P., Paddock, C. D., & Raoult, D., "Tick-borne rickettsioses around the world: emerging diseases challenging old concepts", *Clinical microbiology reviews*, 18(4), 719-756(2005).
7. Chung, M. H., Lee, S. H., Kim, M. J., Lee, J. H., Kim, E. S., Lee, J. S., ... & Kang, J. S., "Japanese spotted fever, South Korea.", *Emerging infectious diseases*, 12(7), 1122(2006).
8. Moon, K. H., Lee, S., Choi, C. Y., Kim, S. Y., Kang, C. W., Lee, K. K., & Yun, Y. M., "Investigation of Theileria sp. from ticks and roe deer (*Capreolus pygargus*) in Jeju island", *Journal of veterinary clinics*, 31(1), 6-10(2014).
9. 감염병누리집-법정감염병 통계, 질병관리청
10. Ismail, N., Bloch, K. C., & McBride, J. W.. "Human ehrlichiosis and anaplasmosis". *Clinics in laboratory medicine*, 30(1), 261-292(2010).
11. Heo, E. J., Park, J. H., Koo, J. R., Park, M. S., Park, M. Y., Dumler, J. S., & Chae, J. S.. "Serologic and molecular detection of Ehrlichia chaffeensis and Anaplasma phagocytophilum (human granulocytic ehrlichiosis agent) in Korean patients". *Journal of Clinical Microbiology*, 40(8), 3082-3085(2002).
12. Inokuma, H., Tsuji, M., Kim, S. J., Fujimoto,

- T., Nagata, M., Hosoi, E. & Okuda, M. "Phylogenetic analysis of Theileria sp. from sika deer, Cervus nippon, in Japan." *Veterinary parasitology*, 120(4), 339~345(2004).
13. Kim K. G., Hwang D. J., Park J. W., Ryu M. G., Kim Y., Yang S. J., Lee J. E., Lee G. S., Lee J. H., Park J. S., Seo J. M., Kim S. H., "Distribution and pathogen prevalence of field-collected ticks from south-western Korea: a study from 2019 to 2022" . *Scientific Reports*, 12336(2024).
14. Monoldorova, S., Lee, S., Yun, S., Park, S., Jeong, J.-U., Kim, J., Lee, I.-Y., Jun, H., Park, C.-H., Byeon, H.-S., et al., "Seasonal Dynamics of Ticks and Tick-Borne Pathogens in Republic of Korea" . *Pathogens*, 1079(13), (2024).

