

한국형 AIDS 바이러스

김 선 영 / 서울대학교 유전공학연구소 교수

어떠한 가능성이든지 국내 바이러스들이 한개의
群으로 불리는 현상은 집중적인 조사를 필요로 한다.

서울대학교 유전공학연구소에서는 지난 4년간 (1993년부터 현재) 수행한 한국 AIDS 바이러스의 유형에 대한 중간 연구결과를 발표하였다. 이 연구는 교육부(학술연구 조성비)등의 지원으로 서울대학교 유전공학연구소(김선영)가 주축이 되어 울산대학교 의과대학(조영걸), 국립보건원(이주실, 신영오), 연세대학교 의과대학(김준명)을 포함한 6개 기관이 공동으로 수행한 것으로, 분자생물학적 기술을 이용하여 46명(이는 1985년 이래 발견된 국내 총 감염자수의 7%에 해당)의 국내 감염자로부터 HIV-1 *env* 유전자를 분리하여 염기서열을 분석한 결과, 41개의 (전체의 89%) B형, 3개의 A형, 1개의 D형을 발견하였다. 1개의 유전정보는 특이하여 명확한 형을 결정할 수 없었다.

소위 U형 非 B형 바이러스들은 모두 이성접촉(특히 외국에서)으로 유입된 것으로 보여진다. 특이한 것은 41개의 B형중 35개(전체의 76%, B형의 85%)가 외국의 AIDS 바이러스와는 현격한 차이점을 보이며 한 群(monophyletic clade)을 이루어 "한국형" AIDS 바이러스가 존재함을 보여준다는 것이다. 유전정보를 분석한 결과 "한국형 AIDS 바이러스"는 다른 나라에서 발견되는 바이러스에는 존재하지 않는 아미노산들을 가지고 있음이 발견되었다.

"한국형" HIV-1이 발생한 가능성은 몇가지가 있겠으나, 국내에 유입된 AIDS 바이러스가 한국인이 가지는 고유의 체형에 의하여 특정형으로 변화되어

가고 있다고 생각하고 있다. 본 연구결과는 조만간 국제 학술지에 발표할 예정이다.

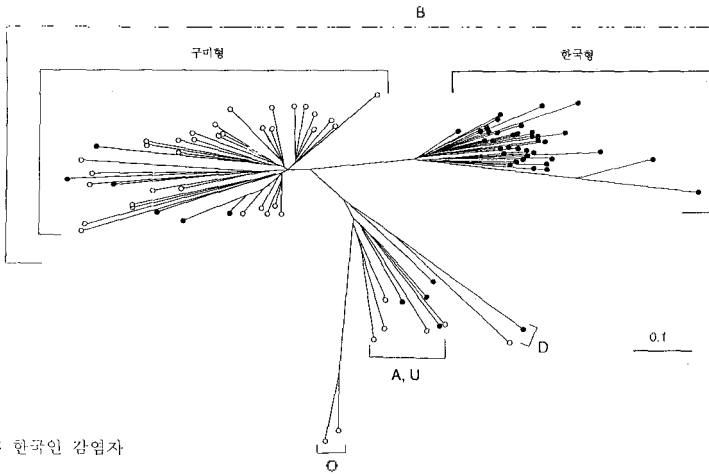
한국형 "AIDS" 바이러스 존재 가능성

인간에게 AIDS를 유발하는 바이러스는 HIV-1과 HIV-2로 크게 2가지로 나뉘어 있다. HIV-1은 미국, 구라파, 아시아지역에 HIV-2는 서아프리카 지역 국가에 유행하고 있다. 우리나라 감염자들은 거의 모두 HIV-1에 감염된 것으로 알려져 있다.

HIV-1은 다시 많은 아형(subtype)으로 나뉘어지는데 분석 기준에 따라 5~10가지로 분류된다. 우리나라에서는 혈액의 항체만을 가지고 감염여부를 구분하기 때문에 HIV-1과 HIV-2는 구분할 수 있어도 HIV-1의 어떤 종류가 국내에서 유행하는지는 아직 모르고 있었다. 그러나 subtype을 정확히 파악하는 것은 역학조사 차원에서는 물론 예방, 교육, 진단, 백신 개발에 매우 중요하다.

서울대학교 유전공학연구소 바이러스학 연구실이 주축이된 공동 연구팀은 최신기법을 사용하여 국내 바이러스를 조사한 결과, 한국내 HIV-1의 대부분(89%)이 B형에 속하며, 빈도수는 낮으나 A형과 D형이 국내에 들어와 있음을 확인하였다.

작은 샘플수를 감안할 때 이는 국내 HIV-1의 유형이 다양함을 의미한다. 특히 非 B형들인 A, D형에 감염된 사람들은 모두 이성접촉으로 감염되었음이 확인되었다. 가장 특이할만한 발견은 국내 HIV-



● 한국인 감염자

한국인으로부터 분리한 *nef* 유전자가 한 群을 형성하는 것을 보여주는 tree(아미노산)

B형의 대부분이(41명중 35명, 즉 B형의 85%)의 한 그룹에 속한다는 것이다. Phylogenetic analysis 라는 기법을 사용하여 한국의 HIV-1과 외국에서 보고된 바이러스를 비교 조사한 결과, 한국 B형의 대부분은 한 群으로 몰려 있었고 이 群에는 외국의 바이러스가 전혀 포함되어 있지 않았다. (그림 참조)

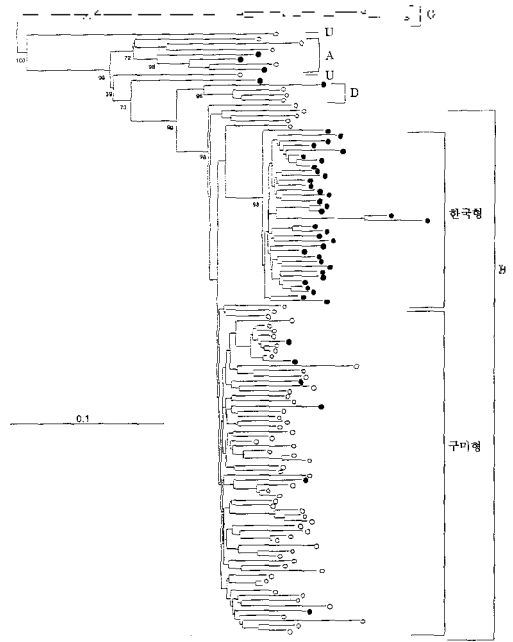
국내 소감염자의 데이터 베이스 구축

이는 두가지의 가능성을 시사하는데 첫째, 적어도 국내 감염자들이 가진 HIV-1이 매우 소수에 기원한다는 것이다. 그러나 이 감염자들에 대한 집중적인 역학조사 결과, 상호간의 전염 관계에 의해 이러한 群이 형성되는 것으로는 생각되지 않는다.

두번째는 한국인이 공통적으로 가지는 면역체형이 바이러스를 일정 방향으로 변화 시킨다는 것이다. 이와 관련하여 HLA와 같은 면역 유전자가 AIDS 발병 속도에 영향을 준다는 보고가 있었고, 특히 한국인 감염자들이 구미인들보다 면역결핍(AIDS)으로의 진전속도가 느리고 생존율도 높다는 국립 보건원 분석도 있었다.

어떠한 가능성이든지 국내 바이러스들이 한개의 群으로 몰리는 현상은 집중적인 조사를 필요로 한다. 특히 이번 연구에 분석된 *nef* 유전자는 AIDS의 발병과 바이러스의 성장에 매우 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있어 이의 가능성을 높여주고 있다.

현재 한국인이 가지는 고유 면역체형이 바이러스



● 한국인 감염자

한국인으로부터 분리한 *nef* 유전자가 한 群을 형성하는 것을 보여주는 tree(DNA)

를 약화시키고 있거나 AIDS 발병을 저해하고 있다는 가설을 세우고 이를 증명하는 실험을 시작하였다. 이는 연구 결과에 따라 AIDS의 치료와 병리의 규명에 매우 중요한 단서를 제공할 것으로 보인다.

1997년 3월 현재 한국은 650여명의 감염자가 발생하였다. 남한 인구가 5000만임을 감안할때 이는 매우 낮은 빈도이다. 우리의 경제력과 감염자수를 볼 때 대한민국은 전 세계에서 유일하게 감염자 전원의 건강 상태와 바이러스의 정확한 정체를 분석하여, 데이터베이스를 구축할 수 있는 나라이다.

이러한 데이터베이스는 HIV의 전염을 매우 정확하게 추적할 수 있어 전염속도를 최대한 둔화시키고 전국의 감염자들을 networking하여 치료를 체계적으로 실시할 수 있어서 예방, 치료, 관리의 차원에서 매우 바람직할 것이다.

이와 관련하여 국립보건원, 국내 대학병원등과 연계하여 국내의 소감염자로부터 바이러스 유전자를 분리하여 데이터베이스를 만드는 국제 공동 프로젝트를 구상하고 있다. 이 연구는 한국의 AIDS 문제를 체계화 하는 작업이어서 정부의 적극적인 관심을 필요로 한다. (A)