

미생물 위해성 평가 방법을 이용한 살모넬라 발생수 추정

최은영 · 박경진*

농업과학기술원 농촌자원개발연구소 · 한국보건산업진흥원*

Estimation of the Number of Salmonellosis Using Microbial Risk Assessment Methodology

Choi, Eun Young · Park, Kyung Jin*

Rural Resources Development Institute, RDA, Suwon 441-853, Korea

*Korea Health Industry Development Institute, Seoul 156-050, Korea

ABSTRACT

The number of foodborne salmonellosis was estimated by using microbial risk assessment(MRA) methodology and the possibility of application was studied through comparison with previous results. The contamination levels of *Salmonella* sp. were estimated by using published domestic studies(1997~2000) and monitoring data (1999~2001) from food-safety related institutes. Data on food consumption came from the 2001 National Health and Nutrition Survey, and dose-response models from studies in other countries. Simulation results showed that there were 753,368 cases of salmonellosis in Korea in 1 year, which is about 115 times that reported in previous years and lower than the WHO's estimation increase. From these results, microbial risk assessment is likely to be available for estimation of the number of foodborne illnesses and determination of the order of priority in food-safety management. But the verification methods are not established and most of the data on contamination levels of foodborne bacteria, food consumption, and dose-response relationships have not been established. In addition, the actual conditions of circulation, storage and cooking must be studied further.

Key words: salmonellosis, microbial risk assessment(MRA), dose-response model

I. 서 론

식품의 안전성을 위협하는 여러 요인들 중에서도 생물학적 요인, 특히 식중독균에 의한 세균성 식중독으로부터의 안전성 확보는 중요한 문제

로 인정되고 있다(Mead et al. 1999). 그러나 식중독은 식품산업과 위생관리기술, 의학의 발달에도 불구하고 발생건수와 환자수가 계속 증가하는 추세에 있다. 따라서 체계적이고 효율적인 식중독 관리가 이루어지기 위해서는 정확한 발생 환자수

를 파악하는 것이 필요하다.

지금까지 식중독 발생 환자수 추정은 감시보고체계에 의해 보고된 자료와 실제 발생과의 차이를 추정한 역학연구의 결과를 이용하여, 그 추정배수를 각 식중독균별로 적용하여 이루어졌다 (Mead et al. 1999). 이러한 연구 결과를 토대로 WHO에서는 실제 식중독 발생 환자수는 보고된 환자수의 약 300~350배 정도까지 될 것이라고 보고하고 있다(Yasmine 1997).

그러나 이러한 추정은 정확성이 결여되어 있고, 특히 우리나라의 경우에는 대부분 집단 식중독이 발생했을 경우의 통계 수치이므로 2명 이상의 보고체계를 가진 미국 등보다 추정에 있어 훨씬 더 많은 차이를 냥게 된다(박경진 등 1998).

따라서 본 연구에서는 이와 같은 문제점을 해결하고 좀더 정확한 추정을 위한 방법으로서 미생물 위험성 평가(microbial risk assessment ; MRA) 방법론을 이용하여 살모넬라(salmonellosis) 발생수를 추정하고, 기존의 연구 결과와 비교하여 그 활용 가능성을 알아보기 하였다.

II. 연구 방법

1. 유해 확인 (Hazard identification)

국내 살모넬라 발생에 관한 자료를 조사하여 유해를 확인하였다.

2. 노출 평가 (Exposure assessment)

식품을 통해 섭취되는 식중독균의 양(ingestion level)을 추정하는 단계이므로, 식품에서의 오염수준(contamination level)과 해당 식품의 섭취량(food consumption)을 이용하여 다음과 같은 방법으로 추정하였다.

$$\text{Ingestion level} = \text{Contamination level} \times \text{Food consumption}$$

살모넬라균의 오염수준에 대해 이용 가능한 자료를 검토한 결과 대부분이 정량적(count assay) 자료가 아닌 균의 존재 유무만을 나타내는 정성적(quantal assay) 자료로 나타났다. 이러한 정성적 자료로부터는 우선 특정 식품에서의 균의 발생수준(prevalence)을 알 수 있다. 따라서 이 발생수준을 바탕으로 하고, 여기에 균이 존재한다면 그 오염농도(concentration)는 어느 정도인가를 추정하면 특정 식품 전체에서의 균의 오염수준(contamination level)을 알 수 있으므로 다음과 같은 방법으로 구하였다.

$$\text{Contamination level} = \text{Prevalence} \times \text{Concentration}$$

또한 변이성(variability)과 불확실성(uncertainty)을 보정해 주기 위해 각 변수를 점 추정치(point estimates)가 아닌 확률분포(probability distribution)로 제시하였다.

가. 오염수준 (Contamination level)

식품에서의 살모넬라균 발생에 관한 자료는 국내에 발표된 각종 문헌(1997~2000)과 관련 기관의 식중독균 발생에 관한 모니터링(1999~2001) 자료를 이용하였다.

(1) 발생수준 (Prevalence)

전체 식품에 대한 살모넬라균의 발생수준(p)은 표본수를 n, 양성으로 판명된 표본수를 s라고 할 때 s/n로 나타낼 수 있다. 그러나 이를 결과는 실험시기, 시료선정 등 실험방법에 차이가 있어 불확실성을 내포하므로 이에 대한 신뢰구간을 구하였다.

표본비율(p)을 알고 있을 때 그 신뢰구간을 구하는 방법 중, 본 연구에 이용된 자료와 같이 n이 크지 않은 경우에 활용이 가능한 누적이항분포(cumulative binomial distribution)를 이용하여 다음과 같이 구하였다.¹⁾

1) FDA/CFSAN, USDA/FSIS, CDC(2001). Draft assessment of the relative risk to public health from foodborne *Listeria monocytogenes* among selected categories of ready-to-eat foods. 2004. 5. 1. from <http://www.foodsafety.gov/~dms/lmrisk.html>

$$\begin{aligned} p_U &= \{(s+1)F_{\alpha/2} [2(s+1), 2(n-s)]\} \\ &\quad / \{n-s+(s+1) F_{\alpha/2} [2(s+1), 2(n-s)]\} \\ p_L &= s / \{s + (n-s+1)F_{\alpha/2} [2(n-s+1), 2s]\} \end{aligned}$$

또한 불확실성과 변이성을 고려하기 위해 통계적인 fitting 절차를 거쳐 적합한 확률분포를 적용시켰다. fitting은 @RISK 프로그램을 이용하였고, 본 연구에서는 이용 가능한 자료로부터 표본수와 양성표본수를 알 수 있으므로 β 분포를 적용하였다. β 분포는 각 시행이 독립적으로 이루어지며 시행의 수 n 가운데 기대한 사건(성공/실패)이 s 번 일어났을 경우 어떤 사건이 발생할 확률을 결정하는 데 사용되며, Beta(α, β)로 나타낸다. 여기서 α 는 $s+1$ 이고, β 는 $n-s+1$ 이다.²⁾ 따라서 본 연구와 같이 표본수와 양성표본수를 알고 있는 경우에 사용이 적절하며, 또한 여러 연구결과를 종합하여 분석하는 경우에도 각 연구의 이질성(heterogeneity)을 나타내는 데 적합하므로 β 분포를 적용하였다.³⁾⁴⁾ 여기에 기대한 사건이 일어날 확률에 대한 최대·최소값을 고려하면 fitted beta 분포를 이용할 수 있는데, BetaGeneral($\alpha, \beta, \text{min.}, \text{max.}$)로 나타낼 수 있다(박경진 2001). 따라서 신뢰구간 추정에서 구한 상·하한값에 대해서도 β 분포를 적용하여 각각 그 평균을 구한 후 이를 최대·최소값으로 하여 fitted β 분포를 최종적으로 적용하였다.

(2) 오염농도 (Concentration)

식품에서의 살모넬라균 오염농도는 특정 분포를 가정할 수 있을 때 가장 좋은 추정치는 그 확률을 최대로 할 때의 $\hat{\pi}$ (maximum likelihood estimator ; mle)이 된다는 원리(Principle of maximum likelihood)를 이용하였다(Haas et al. 1999; Haas et al. 1999).

이 원리를 이용하기 위해서는 우선 식중독균의 분포를 가정해야 한다. 식중독균의 분포는 각각의 미생물 개체가 균일하고(homogeneous) 임의적(random)으로 분포한다고 보는 포아슨 분포(Poisson distribution)를 이용하였다. 이는 지금까지 이루어진 개별 식품에 대한 미생물 위험 평가에서도 기본전제가 되었던 가정이며,⁵⁾ 식중독균 뿐만 아니라 일반적인 미생물 위험 평가에서도 미생물의 분포를 나타내는 방법으로 이용되고 있다(Haas et al. 1999a, 1999b).

따라서 미생물의 농도가 μ 인 표본(x)가 시료의 양 V 에서 미생물 N 개($N=0$ 포함)를 포함할 확률은 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$P(x=N) = (\mu V)^N \exp \frac{(-\mu V)}{N!}$$

여기에서 만일 시료의 양이 다르고 서로 독립적인 여러 표본들인 경우의 확률은 다음과 같다.

$$L = \prod (\mu V_i)^{N_i} \exp \frac{(-\mu V_i)}{N_i!}$$

앞에서도 언급했듯이 이용 가능한 자료는 정성적 자료이므로 확률 분포는 이항분포(binomial distribution)를 따르게 된다. 즉, 하나의 replicate가 한 개 이상의 미생물을 포함(양성)하고 있을 확률이 π_i 라면, n_i 개의 replicates에서 p_i 개의 양성 replicates를 발견할 확률 $P(p_i)$ 는 다음과 같다.

$$P(p_i) = \frac{n_i!}{p_i!(n_i - p_i)!} \pi_i^{p_i} (1 - \pi_i)^{n_i - p_i}$$

그리고 위에서 전제한 대로 미생물의 분포가 포아슨 분포를 따른다고 하면 π_i 는 다음과 같다.

$$\pi_i = P(1 \leq x \leq \infty) = 1 - P(x=0) = 1 - \exp(-\mu V_i)$$

따라서 확률은 다음과 같이 나타내어진다.

- 2) FDA/CVM(2001). The human health impact of fluoroquinolone resistant *Campylobacter* attributed to the consumption of chicken. 2004. 5. 1. from <http://www.fda.gov/cvm/antimicrobial/risk-asses.htm>
- 3) USDA/FSIS(1998). Preliminary pathways and data for a risk assessment of *E. coli* O157:H7 in beef. 2004. 5. 1. from <http://www.fsis.usda.gov/ops/eco/risk/home.htm>
- 4) FDA/CFSAN, USDA/FSIS, CDC(2001). Draft assessment of the relative risk to public health from foodborne *Listeria monocytogenes* among selected categories of ready-to-eat foods. 2004. 5. 1. from <http://www.foodsafety.gov/~dms/lmrisk.html>
- 5) FDA/CFSAN(2001). Draft risk assessment on the public health impact of *Vibrio parahaemolyticus* in raw Molluscan shellfish. 2004. 5. 1. from <http://www.foodriskclearinghouse.umd.edu/vibrio.htm>

$$L = \prod \frac{n_i!}{p_i!(n_i - p_i)!} [1 - \exp(-\mu V_i)]^{p_i} \\ [\exp(-\mu V_i)]^{n_i - p_i}$$

이 확률을 최대로 할 때의 값은 미분하여 0일 때의 값을 구하면 된다. 만약 모든 시료의 양이 동일하게 사용되었을 경우는 아래와 같이 나타내어지며, 서로 다른 부피가 사용된 경우는 여러 프로그램(SOLVER, MATLAB)을 이용하여 구할 수 있다(Charles N. Haas et al., 1999).

$$L_{mle} = -\frac{1}{V} \ln \frac{n-p}{n}$$

식품에서의 미생물 검사는 식품공전이나 미생물 시험법에 의해 25g의 시료를 사용하도록 되어 있으며, 조사된 자료에서도 대부분 이를 밝히고 있다. 그러나 사용한 시료의 양에 대해 언급이 없거나 25g이 아닌 몇몇 자료에 대해서는 25g을 사용한 것으로 가정하였고, 따라서 모든 자료에 대해 위의식을 이용하여 오염농도를 추정하였다.

오염농도의 신뢰구간은 LR(likelihood ratio ; Λ)을 이용하였다. LR이란 귀무가설의 확률(L^0)과 대립가설의 확률(L^A)의 비(L^0/L^A)말하는 것이다. 여기서 귀무가설은 그 자료가 하나의 동일한 평균값을 갖는다는 것이고, 대립가설은 각각 다른 평균값을 갖는다는 것이다. 결정방법은 $-2 \ln \Lambda$ 가 자유도 1인 X^2 값보다 작을 때의 범위가 신뢰구간이 되며(Charles N. Haas et al. 1999), 이를 Excel을 이용하여 μ 의 최대·최소값을 구하였다.

$$L^0 = \prod \frac{n_i!}{p_i!(n_i - p_i)!} [1 - \exp(-\mu V)]^{p_i} \\ [\exp(-\mu V)]^{n_i - p_i}$$

$$L^A = \prod \frac{n_i!}{p_i!(n_i - p_i)!} [1 - \exp(-\mu_{mle,i} V)]^{p_i} \\ [\exp(-\mu_{mle,i} V)]^{n_i - p_i}$$

$$-2 \ln \Lambda = 2 \sum [V(\mu - \mu_{mle})(n_i - p_i) - p_i \ln \frac{1 - \exp(-\mu V)}{1 - \exp(-\mu_{mle,i} V)}]$$

오염농도에 대해서는 최대확률추정치(mle)와 최대·최소값을 구하였다. 따라서 범위(min., max.)와 범위 내에서의 mle가 추정될 수 있는 경우에 사용이 가능한 triangular 분포를 Triangular(min., mle, max.)로 나타내어 적용하였다(박경진 2001).

나. 식품 섭취량 (Food consumption)

식품 섭취량 자료로는 2001 국민건강영양조사를 이용하였는데, 균의 오염수준을 나타내는 자료가 대부분 정확한 식품명을 표기하기보다는 전체적인 식품의 유형으로 나타나 있고, 한 사람이 하루에 섭취하는 모든 식품량을 고려하기 위하여, 조사된 식품에서의 균량을 그 식품이 속하는 식품군의 균량으로 적용하였다. 그리고 식중독의 주요 원인 식품으로 검사가 많이 이루어진 김밥, 도시락은 국민건강영양조사에 따로 분류되어 있지 않으므로 곡류에 포함시켰다.

식품 섭취량도 위의 변수들과 마찬가지로 분포로서 나타내어야 하는데, 평균 이외에는 이용 가능한 값이 없으므로 하나의 값으로 적용시킬 수 있는 포아슨 분포를 이용하였다. 포아슨 분포는 어떤 공간이나 시간에 있어 확률적으로 일어나는 사상을 발생횟수에 따라 나타내었을 때 사용되는 분포로, 평균과 분산이 동일하기 때문에 모수(λ) 1개로 나타낼 수 있으며, Poisson(λ)로 나타내어진다(이승우 1991). 일반적으로 자연에서 일어나는 측정 가능한 특성의 대부분은 정규분포에 적용시킬 수 있으므로 식품 섭취량도 정규분포를 이용하여 나타내는 것이 가능하다. 그러나 정규분포로 나타내기 위해서는 평균과 더불어 표준편차가 존재해야 하는데, 현 자료에는 제시되어 있지 않으므로 포아슨 분포를 이용하였다.

3. 유해 결정 (Hazard characterization)

우리 나라에서는 아직 미생물 위해성 평가에 대해 많은 연구가 이루어지지 않아 용량-반응 관계에 대해서도 지원자나 동물에 대해 연구한 결과는 거의 없다. 역학조사 결과에서도 환자 발생률에 대해서는 어느 정도 조사가 되어 있으나, 선행된 식중독균의 노출에 대해서는 검출 여부만을 확인할 뿐 노출량에 대해서는 조사가 이루어지지 않았다. 따라서 국내의 자료 중에서는 이용 가능한 것이 없으므로 외국에서 연구되어진 용량-반응 모델(dose-response model)을 이용하였다.

현재까지 외국에서 이루어진 용량-반응 관계에 대한 연구는 지원자나 동물을 이용하여 실험

한 후 그 결과를 역학조사의 결과와 비교하여 검증하는 방식으로 이루어졌다. 또한 반응에도 감염, 발병, 사망의 3단계가 있기 때문에 이를 각각을 구분하여 연구가 이루어지고 있다(Levin 1996). 감염은 보통 사람의 경우에는 분변(stool), 동물의 경우에는 장관(gastrointestinal tract)에서의 식중독균 검출을 기준으로 하여, 발병(symptomatic infection)한 경우 이외에 불현성 감염(asymptomatic infection)까지도 포함하고 있다. 발병은 일반적으로 설사, 발열과 같은 급성 위장염(acute gastroenteritis) 증상을 기준으로 하였으며, 각각의 연구에서 기준으로 한 증상을 밝히고 있다. 사망에 대해서는 아직까지 보고된 연구 결과가 없다. 따라서 여기에서는 지금까지 살모넬라균에 대해 연구되어진 모델 중에서 Rose et al.(1995)의 모델을 이용하였다.

Table 1. Dose-response model of *Salmonella* sp.^{**}

Bacteria	Host	Biological end point	Model / Parameter
<i>Salmonella</i> sp.	Human	Infection	Exponential [*] $r = 0.00752$

* $P(d) = 1 - e^{-rd}$

** Rose et al.(1995)

4. 위해도 결정 (Risk characterization)

유해 결정 단계에서 추정된 값은 한 사람이 하루에 발생 가능한 위해도(risk)를 나타낸 것이다. 이것을 연간 국내에서 발생하는 총 살모넬라 발생수로 추정하였다. 우선 한 사람의 연간 식중독 위해도는 매일의 위해에 1년 동안 계속적으로 노출된다는 것을 의미하므로, 단일 노출에 의한 위해도로부터 계속적인 노출에 의한 위해도를 산출하였다.

여기에는 두 가지 방법이 가능한데, 첫 번째 방법은 각 위해가 계속적으로 이루어질 경우 각각의 위해도는 서로 독립적으로 작용한다는 데 기초를 두고 있다. 즉, 각 위해도에 의한 결과가 영향을 미칠지 혹은 미치지 않을 지에 대해 이항 분포의 개념이 적용되어, 영향을 미치게 될 확률은 다른 어떤 위해도에 의해서도 영향을 받지 않

게 될 확률의 여집합(complement)을 이용하여 구할 수 있다는 것이다. 따라서 각각의 위해도를 R_i 라고 하면, 1년간의 계속적인 노출에 의한 총 위해도 R 은 다음과 같이 나타낼 수 있다(Haas et al. 1999).

$$R = 1 - \prod_{i=1}^n (1 - R_i)$$

두 번째 방법은 비발암성(noncarcinogenic) 화학물질에 주로 사용되는 방법으로, 각각의 위해도가 계속적으로 축적되어 작용한다는 데 기초를 두고 있다. 즉, 각각의 위해도 R_i 가 1년간 축적된 양이 용량-반응 관계식에 의해 총 위해도 R 로 나타나게 된다는 것이다(Haas et al. 1999).

$$R = f(\sum_{i=1}^n R_i)$$

그러나 화학물질과 달리 식중독균은 매일 섭취된 양이 축적되어 영향을 미치기보다는 각각의 섭취량이 독립적으로 작용하여 영향을 미치게 되므로 여기에서는 첫 번째 방법을 사용하였다. 또한 현재까지 미생물 위해성 평가에서도 계속적인 노출에 대해서는 첫 번째 방법의 이용이 권장되고 있다(김길생 등 1998).

한 사람의 연간 식중독 위해도(R)가 결정되면 여기에 국내 총인구수(total population number)를 이용하여 국내에서 연간 발생하는 식중독 환자수(E)를 다음과 같이 추정하였다. 국내 총인구수는 본 연구의 노출평가에 이용된 자료가 대부분 1999년과 2000년의 결과이므로, 통계청의 자료를 이용하여 1999년의 46,616,677명과 2000년의 47,008,111명의 대략적인 중간값인 47,000,000명을 이용하였다.⁶⁾

$$E = R \times \text{Total population number}$$

5. 시뮬레이션 (Simulation)

이상의 연구 방법을 종합한 시뮬레이션 모델은 Fig.1과 같다. 시뮬레이션은 확률분포로 나타낸 각 변수를 @RISK 4.5(Palisade Corp. 2002) 프로그램을 이용하여 행하였다.

이 프로그램에서 사용 가능한 표본추출(sampling) 방법에는 2가지가 있다. 첫번째는 Monte Carlo sampling으로, 확률분포로부터 임의적(random)으

6) 통계청. 2004. 5. 1. from http://www.nso.go.kr/cgi-bin/sws_777pop.cgi

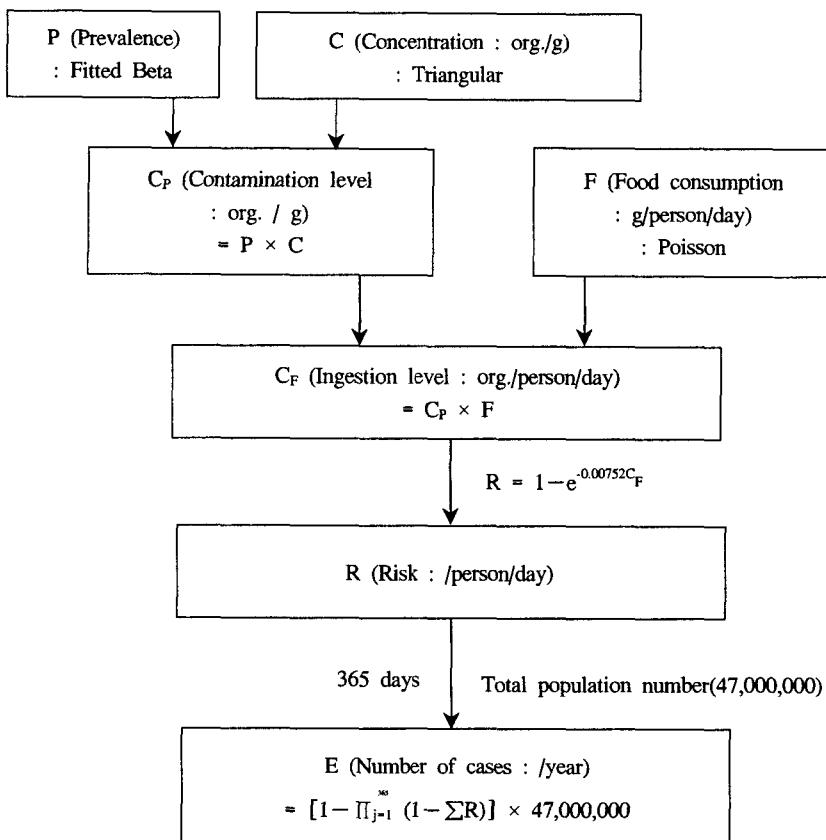


Fig. 1. Simulation model

로 표본을 추출하는 전형적인 방법이다. 주로 표본수가 많을 때 이용되며, 특히 자료가 한쪽으로 치우친(highly skewed) 경우나 매우 낮은 확률을 갖는 자료에 사용할 수 있다. 두 번째 방법은 Latin Hypercube sampling으로, Monte Carlo sampling과는 달리 확률분포를 균일하게 나누어 그 중에서 다시 표본을 임의적으로 추출하므로, 더 적은 시행으로 빠르고 정확하게 적합한 분포에 도달할 수 있다.

따라서 여기에서는 Latin Hypercube sampling,

반복시행 횟수(iterations)는 20,000번, generator seed는 random 방법을 사용하여 최종적인 시뮬레이션 결과로 이용하였다.

III. 연구 결과

1. 유해 확인 (Hazard identification)

살모넬라 발생에 대한 자료로는 본 연구에서 이용한 데이터의 시험기간인 1998년부터 2000까지의 식중독 발생 현황(Table 2)을 이용하였다.

Table 2. The number of salmonellosis⁷⁾

Outbreak	1998		1999		2000		Average	
	Case	Outbreak	Case	Outbreak	Case	Outbreak	Case	
119	4,577	174	7,764	104	7,269	397	6,537	

7) 식품의약품안전청. 2004. 5. 1. from <http://www.kfda.go.kr/main/service1.htm>

평균 1년 동안의 살모넬라 식중독 발생건수는 397건이고, 발생 환자수는 6,537명으로 나타났다.

2. 노출 평가 (Exposure assessment)

가. 발생수준 (Prevalence)

발생수준을 추정하는 데 이용된 데이터와 관련 문헌 그리고 이로부터 계산된 발생수준의 비율과 상·하한값에 대한 결과는 Table 3과 같으며, 자료는 곡류와 육류에 대해서만 이용 가능하였다.

이로부터 발생수준을 알아보기 위한 fitted β 분

포의 변수와 그 결과인 발생수준은 Table 4와 같으며, 육류 및 그 제품에서의 발생수준(0.08545)이 곡류 및 그 제품(0.05832)보다 높게 나타났다.

나. 오염농도 (Concentration)

오염농도에 대한 결과는 Table 5와 같다. 결과 발생수준과 마찬가지로 육류 및 그 제품에서의 오염농도(0.00033 org/g)가 곡류 및 그 제품(0.00018 org/g)보다 높게 나타났다.

Table 3. Data sets used to estimate the prevalence of *Salmonella* sp.

Food category	No.	Sample	Positive	Lower limit(p _l)	Fraction (p)	Upper limit(p _u)	Reference
Cereals & products	1	7	0	0.00000	0.00000	0.40962	서정희 등, 1997
	2	1,221	1	0.00002	0.00082	0.00455	서울*
	3	670	0	0.00000	0.00000	0.00549	부산*
	4	5	0	0.00000	0.00000	0.52182	대전*
	5	13	1	0.00195	0.07692	0.36030	충북*
	6	59	0	0.00000	0.00000	0.06061	충남*
	7	16	0	0.00000	0.00000	0.20591	경북*
	8	9	0	0.00000	0.00000	0.33627	경남*
	9	90	0	0.00000	0.00000	0.04016	제주*
	10	249	11	0.02226	0.04418	0.07767	전북*
	11	676	0	0.00000	0.00000	0.00544	강원*
Meat & products	1	16	1	0.00158	0.06250	0.30232	강호조 등, 2000
	2	18,767	151	0.00682	0.00805	0.00943	농림부
	3	77	0	0.00000	0.00000	0.04678	소비자보호원
	4	637	2	0.00038	0.00314	0.01130	서울*
	5	7	0	0.00000	0.00000	0.40962	부산*
	6	12	0	0.00000	0.00000	0.26465	대전*
	7	7	0	0.00000	0.00000	0.40962	충북*
	8	6	2	0.04327	0.33333	0.77722	충남*
	9	89	0	0.00000	0.00000	0.04060	경북*
	10	14	2	0.01779	0.14286	0.42813	경남*
	11	47	0	0.00000	0.00000	0.07549	제주*
	12	305	3	0.00203	0.00984	0.02847	전북*
	13	19	0	0.00000	0.00000	0.17647	강원*

* 보건환경연구원(1999~2000)

Table 4. Parameters for fitted Beta distributions and prevalence of *Salmonella* sp.

Food category	α of fraction	β of fraction	Mean of p _l	Mean of p _u	Prevalence
Cereals & products	0.09710	0.28104	0.00546	0.21130	0.05832
Meat & products	0.11697	0.34054	0.01108	0.30196	0.08545

Table 5. Parameters for triangular distributions and concentrations of *Salmonella* sp.

Food category	Sample	Positive	Lower limit (org./g)	μ_{MLE} (org./g)	Upper limit (org./g)	Concentration (org./g)
Cereals & products	3,015	13	0.00010	0.00017	0.00028	0.00018
Meat & products	20,031	161	0.00028	0.00032	0.00038	0.00033

다. 오염수준 (Contamination level)

발생수준(prevalence)과 오염농도(concentration)로부터 계산된 오염수준은 Table 6과 같다. 발생수준·오염농도와 마찬가지로 육류 및 그 제품에서의 오염수준($2.80E-05$ org./g)이 곡류 및 그 제품($1.07E-05$ org./g)보다 높게 나타났으며, 전체적인 오염수준은 $3.87E-05$ org./g으로 나타났다.

Table 6. Contamination levels of *Salmonella* sp.

Food category	Contamination levels (org./g)
Cereals & products	$1.07E-05$
Meat & products	$2.80E-05$
Total	$3.87E-05$

라. 균 섭취량 (Ingestion level)

2001년 국민건강영양조사에 따른 국민 1인당 일일 식품 섭취량은 곡류 및 그 제품이 310.5g, 육류 및 그 제품이 91.7g으로 나타났다.

오염수준(contamination level)과 식품 섭취량(food consumption)으로부터 계산된 균 섭취량은 Table 7과 같다. 발생수준·오염농도·오염수준과 달리 식품 섭취량이 많은 곡류 및 그 제품(0.00334 org./person/day)이 육류 및 그 제품(0.00258 org./person/day)보다 높게 나타났으며, 전체적인 균 섭취량은 0.00592 org./person/day로 나타났다.

Table 7. Ingestion levels of *Salmonella* sp.

Food category	Ingestion levels (org./person/day)
Cereals & products	0.00334
Meat & products	0.00258
Total	0.00592

3. 유해 결정 (Hazard characterization)

균 섭취량(ingestion level)에 Rose et al. (1995)의 모델을 이용한 위해도(risk)는 Table 8과 같다. 균 섭취량과 마찬가지로 곡류 및 그 제품($2.51E-05$ /person/day)이 육류 및 그 제품($1.94E-05$ /person/day)보다 높게 나타났으며, 전체적인 위해도는 $4.45E-05$ /person/day로 나타났다.

Table 8. Risk of *Salmonella* sp.

Food category	Risk (/person/day)
Cereals & products	$2.51E-05$
Meat & products	$1.94E-05$
Total	$4.45E-05$

4. 위해도 결정 (Risk characterization)

위해도(risk)에 따른 발생 환자수를 추정한 결과는 Table 9와 같다. 위해도와 마찬가지로 곡류 및 그 제품($424,663/year$)이 육류 및 그 제품($328,705/year$)보다 높게 나타났으며, 전체적으로는 1년에 발생 가능한 환자수는 753,368명으로 나타났다. 이를 1998년부터 2000년까지 우리나라에서 발생한 살모넬라 식중독 발생 환자수(Table 2)와 비교해 보면 평균 약 115배임을 알 수 있는데, 이는 WHO의 추정배수 300~350보다는 낮은 수준이다. 또한 Figure 2, 3에 곡류와 육류에서의 발생 환자수에 대한 시뮬레이션 결과를 나타내었다. 평균, 5%와 95% 신뢰구간 및 발생 환자수의 확률분포 등이 나타나 있다.

Table 9. The number of salmonellosis

Food category	Number of salmonellosis (/year)
Cereals & products	424,663
Meat & products	328,705
Total	753,368

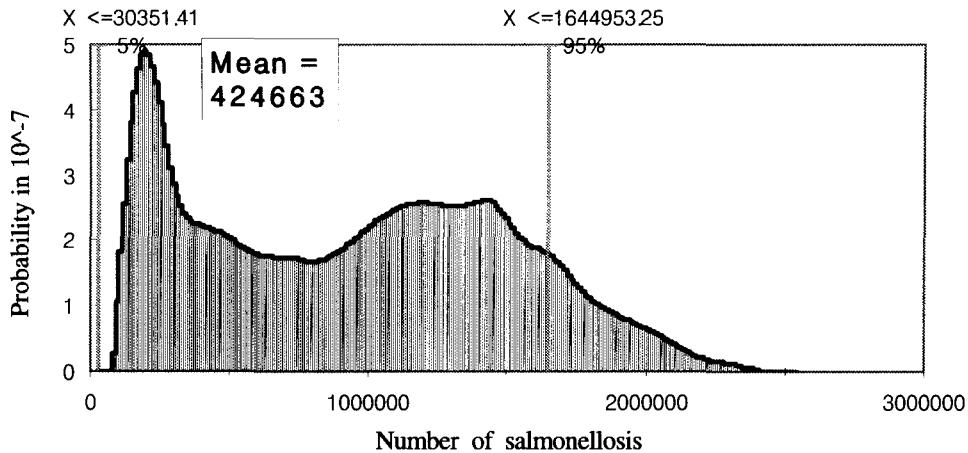


Figure 2. The number of salmonellosis in cereals & products

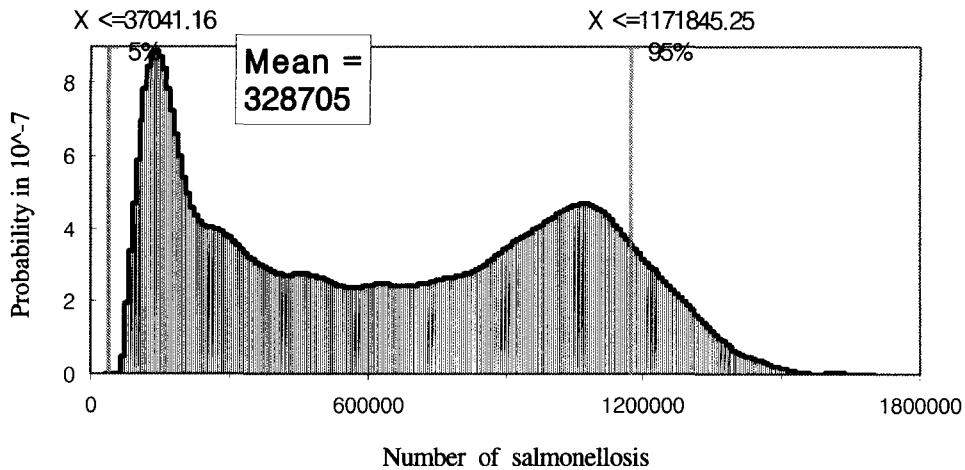


Figure 3. The number of salmonellosis in meat & products

IV. 고찰

이상의 결과를 볼 때 미생물 위해성 평가 방법은 식중독 발생 환자수를 추정하고, 더 나아가

식중독 관리에 있어서의 우선순위를 결정하는 데 이용이 가능한 것으로 보인다. 그러나 아직까지 미생물 위해성 평가 방법의 이용에는 다음과 같은 문제점들이 해결되어야 한다.

1. 검증 방법의 미확립

현재 미생물 위해성 평가는 문제가 되고 있는 몇몇 특정 식품에서의 특정 식중독균에 대해 개별적으로 이루어지고 있으며, 식중독 발생 환자 수 추정에는 이용되고 있지 않다. 따라서 이 방법의 이용에는 검증 과정이 수반되어야 하나 아직까지 이를 검증할 수 있는 방법이 확립되어 있지 않다. 물론 개별적으로 이루어지는 위해성 평가 과정을 전 식품의 식중독균으로 확대하여 실시한 것이라는 점에서는 이용의 가능성이 인정되지만, 개별적인 과정을 전체로 확대했을 때 일어날 수 있는 방법적 혹은 통계적 오류에 대해서는 통제가 되고 있지 않다. 따라서 이를 증명할 수 있는 검증 방법이 확립된다면, 몇몇 기초자료만으로 식중독 발생 환자수를 추정할 수 있는 방법이 될 것이다.

2. 식중독균의 오염농도에 대한 자료, 특히 정량적 자료의 부족

식중독균의 오염농도에 대한 자료는 매우 제한적이어서 소수의 자료로 인해 과다 혹은 과소 평가될 수 있다. 본 연구에서도 곡류와 육류에서의 자료만이 이용 가능하여 추정된 발생 환자수가 WHO의 추정배수보다 작게 나온 것으로 생각된다. 또한 대부분이 정량적이 아닌 정성적인 자료로 나타났다. 물론 정성적 자료로부터도 통계적 방법을 이용하여 식중독균의 오염농도를 추정 할 수 있었지만, 이는 실제적인 오염농도를 나타내는 것이 아니므로 차이가 있게 된다. 따라서 모든 식품과 식중독균에 대한 정기적 모니터링 과정을 통해 정량적 자료를 축적하는 것이 중요한 점으로 나타났다.

3. 식품 섭취량 자료 이용의 한계

식품 섭취량에 대한 자료로 이용한 국민건강 영양조사의 결과에는 평균값만이 제시되어 있어 정확한 추정에 오차가 발생했을 것으로 생각된다. 또한 식품군의 분류가 현실적으로 많이 섭취되는 식품 형태를 반영하지 않고 있어 적용에 어려움이 있었다. 특히 김밥, 도시락과 같은 복합조

리식품은 식중독의 위해도가 매우 높은 식품으로, 이들에 대한 섭취량이 따로 조사되어진다면 좀더 정확한 추정이 가능할 것이다. 본 연구에서도 발생수준, 오염농도, 오염수준과 달리 균 섭취량에서 곡류가 육류에 비해 높게 나타났는데, 이것은 이들 복합조리식품을 모두 곡류로 분류한 데서 오는 결과일 것이다.

4. 용량-반응 관계에 대한 연구 부족

현재 용량-반응 관계에 대한 연구는 몇몇 식중독균에 한해 이루어져 있고, 또 동일 식중독균에 대한 여러 모델 간에도 상당한 차이를 보이고 있다. 특히 우리나라에는 식중독균의 용량-반응 관계에 대해 이용 가능한 자료가 없는데, 용량-반응 관계는 미생물(pathogen) 이외에도 숙주(host)와 식품형태(food matrix)에 따라 영향을 받으므로(Buchanan et al., 2000) 이에 대한 연구가 시급하다고 할 수 있다. 또한 감염·발병·사망과 같은 반응의 여러 단계에 따른 연구가 이루어 진다면, 이를 근거로 감염자수·발병자수·사망자수를 구분하여 추정할 수 있고, 이는 좀더 효과적인 식중독 관리로 이어질 수 있을 것이다.

5. 식품의 유통, 보관, 조리, 조리 후 보관, 교차오염 실태에 대한 연구 부족

식품이 생산되어 섭취될 때까지는 유통, 보관, 조리 등의 여러 과정을 거친다. 이 과정에서 식중독균은 쉽게 증식 또는 사멸할 수 있기 때문에 이에 대한 고려도 이루어져야 정확한 오염수준을 추정할 수 있다. 그러나 이를 과정에 대한 실태 조사가 이루어진 것이 거의 없어 추정에 많은 영향을 미쳤을 것으로 생각되며, 이는 향후 미생물 위해성 평가에도 고려되어야 할 사항이므로 실태 연구가 절실히 요구된다.

V. 요약

미생물 위해성 평가 방법론을 이용하여 살모넬라 발생수를 추정하고, 기존의 연구 결과와 비교하여 그 활용 가능성에 대해 알아보았다. 살모넬라균의 오염수준은 국내에 발표된 각종 문헌

(1997~2000)과 관련 기관의 모니터링 자료(1999~2001)를 수집하여 추정하였고, 식품 섭취량은 2001 국민건강영양조사, 용량-반응 모델은 외국에서 발표된 연구 결과를 이용하였다. 각 변수를 시뮬레이션을 통해 추정한 결과 1년 동안 국내에서 발생 가능한 살모넬라 환자수는 753,368명으로 나타났는데, 이는 보고된 환자수의 약 115배로 WHO의 추정배수보다는 낮은 결과를 보였다. 이상의 결과를 볼 때, 미생물 위해성 평가 방법은 식중독 발생 환자수를 추정하고 식중독 관리에 있어서의 우선순위를 결정하는 데 이용이 가능한 것으로 보인다. 그러나 아직까지 검증 방법이 확립되어 있지 않고, 식중독균의 오염농도, 식품 섭취량, 용량-반응 관계, 유통·보관·조리 등의 실태에 관한 연구가 좀더 필요할 것으로 생각된다.

참고문헌

- 강원도 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 강호조·김용환·손원근(2000). 식중독균의 정량시험에 의한 시판 식육 및 계육의 오염도 평가.
 한국식품위생안전성학회지 15(3), 204-208.
 경상북도 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 김길생·이효민·임철주·권오란·최시내·윤은경·홍지연(1998). 식품중 미생물 위해성평가 방법론 연구. *The annual report of KFDA* 2, 66-75.
 농림부 2001 상반기 식육 종 미생물검사 실적.
 대전광역시 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 박경진(2001). 아이스크림 제조공정 위생관리 모델에서의 Quantitative Risk Assessment 활용에 관한 연구. 서울대학교 농학박사학위논문. 61-62.
- 박경진·노우섭(1998). 우리 나라에서 발생한 실제 살모넬라 식중독 환자수 추정 및 사회경제적 손실비용 추계. *한국식품위생안전성학회지* 13(3), 299-304.
 보건복지부(2002). 2001 국민건강·영양조사 -영양조사 I ~ 91.
 부산광역시 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 서울특별시 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 서정희·김말남·정윤희(1997). 햄버거의 미생물적 안전성과 영양학적 분석. *Korean J. Food Sci. Ani. Resour.* 17(1), 74-80.
 이승옥(1991). 통계학의 이해. 자유아카데미, 136-137.
 전라북도 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 제주도 보건환경연구원 1999-2000 검사 내역.
 한국소비자보호원 1999-2000 식중독균 발생관련 모니터링 조사표.
 Buchanan RL, Smith JL, Long W(2000). Microbial risk assessment - Dose-response relations and risk characterization. *Int. J. Food Microbiol* 58(3), 159-172.
 Haas CN, Aadithya TM, Rose JB, Gerba CP(1999). Development and validation of dose-response relationship for *Listeria monocytogenes*. *Quantitative microbiology* 1(1), 89-102.
 Haas CN, Rose JB, Gerba CP(1999). Quantitative Microbial Risk Assessment. John Wiley & Sons Inc. 162-259.
 Levin BR(1996). The evolution and maintenance of virulence in microparasites. *Emerg Infect Dis* 2(2), 93-102.
 Mead PS, Slutsker L, Dietz V, McCaig LF, Bresce JS, Shapiro C, Griffin PM, Tauxe RV(1999). Food-Related Illness and Death in the United States. *Emerg. Infect. Dis.* 5(5), 607-625.
 Rose JB, Haas CN, Gerba CP(1995). Linking microbiological criteria for foods with quantitative risk assessment. *J Food Safety* 15, 121-132.
 Yasmine M(1997). Global estimation of foodborne disease. *World Health Statistics Quarterly* 50(1/2), 5-11.