

Article

## 2014년 경기지역에서 발생한 해외유입 홍역 바이러스의 분자역학적 특성 분석

윤희정\* · 박포현 · 황선일 · 허정원 · 남수정 · 용금찬 · 윤미혜

경기도보건환경연구원 바이러스팀

### Molecular epidemiological study of measles virus throughout an imported epidemic outbreak in Gyeonggi-do in 2014

Hee-Jeong Yun\*, Po-Hyun Park, Sun-Il Hwang, Jeong-Weon Huh, Soo-Jung Nam, Kum-Chan Yong, and Mi-Hye Yoon

Team of virus, Gyeonggi-do Institute of Health and Environment, Suwon 16205, Republic of Korea

(Received November 14, 2016; Revised January 16, 2017; Accepted January 26, 2017)

Measles virus is a highly contagious, exanthematic virus, preventable by the use of an effective live-attenuated vaccine.

However, measles virus remains endemic in many area of the world causing nearly 200,000 deaths per year and still a major cause of child mortality, mostly in developing countries. In March 2014, Republic of Korea was certified as a 'national measles elimination' by the WHO as a result of a high-quality case-based surveillance system and population immunity, which was achieved by a high vaccination rate (>95.0% since 1996). But, since the beginning of 2014, the Gyeonggi province has experienced a resurgence of measles cases.

In this study, we investigated the characteristics of measles viruses isolated from confirmed measles in Gyeonggi province during January 1, 2014 ~ July 31, 2014, 60 isolates were obtained from 72 confirmed measles specimens.

Genotypic distributions and genetic diversities of isolated measles virus were analyzed by sequencing of nucleoprotein (N) gene. 58 (96.7%) imported cases were identified. The predominant genotype was B3, which reflects the circulating measles virus in adjacent countries. The sequences of nucleoprotein (N) gene of isolated MeV were showed that the strains characterized showed the highest degree of identity (99%) with the Philippine related strains in 2013–2014. Therefore, infected traveler returning from the Philippines transmitted secondary infection in Korea.

**Keywords:** disease, epidemiology, genotype B3, measles virus, prevention

홍역바이러스(Measles virus)는 전염성이 매우 강하고 발진성 열병을 일으키는 바이러스이나, 약독화된 생백신 접종으로 충분히 예방할 수 있다.

많은 나라들에서는 백신접종으로 홍역에 의한 이환률과 사망률이 감소되었다. 그러나 아직도 홍역바이러스(MeV)는 대부분의 개발도상국에서 어린아이들의 주요 사망원인이며 해마다 20만명이 사망하는 풍토병이다(de Quadros *et al.*, 1996; Wolfson *et al.*, 2009). 홍역바이러스(MeV)는 Paramixoviridae 과 Morbillivirus속에 속하는 RNA 바이러스로서 1개의 혈청형으로 23개의 유전형을 가지고 있다(Bellini and Rota, 1998). 23개의 유전형(A, B1-B3, C1-C2, D1-D10, E, F, G1-G3, H1-H2)은 전세계의 각기 다른 지역에서 유행하는 것으로 알려져 있으며, 그 중 5개의 유전형(B1, D1, E, F, G1)은 과거 15년간 유행하지 않는 것으로 보아 비활성화 상태인 것으로 추정된다(World Health Organization, 2005). 홍역바이러스(MeV)의 유전적 다양성은 hemagglutinin(H)와 nucleoprotein (N)의 450-nucleotide carboxyl region 부위의 gene에서 가장 많이 발생하며, 이 부위에서 각각 8%와 12%의 nucleotide 다양성을 가진다(Xu *et al.*, 1998; Sodes *et al.*, 2010).

우리나라는 2000년~2001년 사이 5만 여명 환자가 발생한 홍역 대유행을 겪으면서 2001년 홍역퇴치를 위한 5개년 사업

\*For correspondence. E-mail: [hjyun712@gg.go.kr](mailto:hjyun712@gg.go.kr);  
Tel.: +82-31-250-2554; Fax: +82-31-250-2559

을 시작하여 2003년부터 환자발생이 인구 백만명 당 1명 미만으로 유지하였다. 그리고 WHO에서 제시한 홍역퇴치 기준과 비교해 홍역환자 발생률뿐만 아니라 감시체계, 집단면역의 수준의 적절성이 확인됨에 따라 2006년에 서태평양지역 국가 최초로 홍역퇴치를 선언한 바 있다. 2006년 이후엔 홍역퇴치 수준을 유지하기 위해 높은 예방접종률 유지(95% 이상), 실험실 감시체계 보완, 의심사례 전수 역학조사 실시, 홍역의심환자 격리치료비용 지원 등의 사업을 수행하였다. 이러한 노력의 결과로 2012년에는 자국 내에서 발생한 홍역환자 ‘제로’를 달성하였고 2014년 3월 WHO로부터 ‘홍역퇴치국가’로 인증 받았다(Korea Centers for Disease Control and Prevention, 2013b; World Health Organization Western Pacific Region, 2014b).

그러나 2014년 1월부터 전국적으로 홍역확진환자가 발생하여 7월말까지 549명의 홍역확진환자가 보고되었으며, 이 중 경기도내에서는 177명의 확진환자가 발생하였다.

따라서 본 연구에서는 2014년 1월부터 2014년 7월까지 경기도내 홍역확진환자 대상으로 홍역바이러스의 유행양상 및 유전형 분포양상을 연구하였다. 홍역바이러스(MeV)의 분자역학적 연구는 역학조사와 감염원과 전파경로의 추적을 가능하게 하는 유용한 방법으로(Riddell et al., 2005) 지역사회에서의 홍역바이러스의 감염 및 예방 대책 수립을 위한 기초역학 자료로 활용하기 위함이다.

## 재료 및 방법

### 검체수집

2014년 1월부터 2014년 7월까지 경기도내에서 발생한 홍역환자 177명중 채취한 총 72건의 인후도찰물을 대상으로 연구를 실시하였다. 환자들로부터 채취된 인후도찰물은 바이러스 수송용 배지(viral transport medium; VTM; BD)에 넣고 냉장 상태를 유지하면서 실험실로 운반하여 바이러스 분리를 위한 검체로 사용하였고, 보관은 -70°C 초저온 냉동고에 하였다.

### 세포배양 및 홍역바이러스 분리

검체의 전처리를 위하여 검체에 penicillin (1,000 units/ml)/streptomycin (1,000 µg/ml) (Gibco, USA) 및 nystatin (1,000

units/ml) (Sigma)을 첨가한 후 4°C에서 15분 간격으로 흔들며 주면서 1시간 동안 방치하였다. 이를 원심분리(2,000 rpm, 20분, 4°C)하여 얻어진 상층액을 바이러스 접종용 검체로 사용하였다.

홍역바이러스의 분리를 위해 감수성을 갖는 세포주인 vero/hSLAM 세포를 질병관리본부 호흡기바이러스과로부터 분양 받아 사용하였다. 세포는 10% FBS (fetal bovine serum; Welgene), 1% geneticin, 1% glucose, 1% penicillin/ streptomycin 이 첨가된 MEM (minimum essential medium; Welgene) 배지를 사용하여 배양하였으며, 세포를 24 well 배양용기에 단층 배양한 후, 세포의 밀도가 약 70% 정도 되었을 때 세포배양액을 제거하고, phosphate-buffered saline (PBS)을 이용하여 2회 세척한 다음 전처리된 각 검체를 200 µl씩 접종하고, 2% FBS가 포함된 배양액을 첨가하여 35°C, 5% CO<sub>2</sub> 조건에서 7일간 배양하며 세포병변효과(cytopathic effect; CPE)를 관찰하였다. 70~80% 정도의 세포병변이 관찰되었을 때, 배양용기 내의 세포 및 배양액을 수거한 후 원심분리(12,000 rpm, 10분, 4°C)하여 상층액을 분리하였다.

분리된 상층액은 QIAamp Viral RNA Mini kit (QIAGEN)를 사용하여 제조사의 방법에 따라 RNA를 추출하였다.

Rota 등(2011)이 보고한 홍역바이러스 검출용 프라이머를 유전자검출을 위해 사용하였고(Table 1), OneStep RT-PCR smart mix kit (Solgent)를 사용하여 분리된 RNA를 첨가한 후, 유전자 증폭기(Verti 96 well Thermal Cycler; Applied Biosystems)를 사용하여 분석하였다.

RT-PCR 반응조건은 50°C에서 30분간 reverse transcription을 수행하였고, 95°C에서 15분간 변성시킨 후, 95°C에서 30초, 60°C에서 30초, 72°C에서 30초씩 40회 반복한 후 72°C에서 10분간 extension한 후 반응을 중단시켰다.

PCR 산물은 QIAxel (QIAGEN) 전기영동장치로 확인하였다.

### 유전자 염기서열 분석

RT-PCR을 통해 증폭된 PCR 산물은, Marcrogen 사를 통해 정제와 유전자 분석을 수행하였다. 즉, 증폭된 유전자를 1% 아가로스 젤(Gibco)로 전기영동하여 확인한 뒤, DNA 절편을 절단한 후, AccuPrep Gel Purification kit (Bioneer)를 사용하여

**Table 1.** Primer list for amplification and sequencing of N gene

Primer	Sequence (5'-3')	Target gene	Location	Product size (bp) <sup>a</sup>	Reference
MeV 216	TGG AGC TAT GCC ATG GGA GT	N	1104-1123	634	Rota et al. (2011)
MeV 214	TAA CAA TGA TGG AGG GTA GG		1718-1737		

정제하였다. 절편을 튜브에 넣고 3배 부피의 젤 용해용 완충용액(Buffer GB)을 첨가하고 50°C에서 젤을 용해시킨 뒤, Bioneer spin column으로 옮겨 4°C에서 14,000 rpm으로 1분간 원심한 후, 세척용 완충용액 750 µl을 첨가하고 14,000 rpm에서 1분간 원심한 후, 상층액을 취하여 잔여 세척용 완충용액을 제거하고 30~50 µl의 DW로 DNA를 회수하여 다음 실험에 이용하였다.

PCR을 통해서 증폭된 홍역바이러스 양성 PCR product를 이용하여 각각의 유전자형에 특이적인 프라이머를 사용하여 양쪽 방향으로 dideoxynucleotide chain termination 기법을 사용하는 Bigdye sequencing kit (ABI prism Applied Biosystems, Perkin Elmer)을 사용하여 sequencing reaction을 하였다. 얻어진 PCR 산물을 이용하여 ABI Prism BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit와 ABI Prism 3100 Genetic

Analyzer (Perkin-Elmer Cetus)를 이용하여 염기서열 분석을 수행하였다.

### 유전계통학적 분석

분석된 경기도내 분리주의 nucleoprotein (N) 부위 염기서열은 BLAST (Basic Local Alignment Search Tool, <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)을 이용하여 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) database에 등록되어 있는 기존의 홍역바이러스 표준주(Table 2) 염기서열과 비교분석을 통해 가장 높은 상동성을 나타낸 유전형을 확인하였다. 서열들은 ClustalW 프로그램을 이용하여 정렬하였으며, MEGA v 5.05 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 5.05) software (Rota *et al.*, 2011)을 이용하여 maximum composite likelihood model과 neighbor-joining method에 의해 염기서

**Table 2.** Measle virus reference strains used for sequence analysis

Genotype	Referencestrains	GenBank	Reference
		N gene accession	
A	Edmonston-wt.USA/54	U01987	GenBank ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</a> ) database
B1	Yaounde.CAE/12.83“Y-14”	U01998	
B2	Libreville.GAB/84“R-96”	U01994	
B3	New York.USA/94	L46753	
	Ibadan.NIE/97/1	AJ232203	
C1	Tokyo.JPN/84/K	AY043459	
C2	Maryland.USA/77“JM”	M89921	
	Erlangen.DEU/90“WTF”	X84872	
D1	Bristol.UNK/74 (MVP)	D01005	
D2	Johannesburg.SOA/88/1	U64582	
D3	Illinois.USA/89/1“Chicago-1”	U01977	
D4	Montreal.CAN/89	U01976	
D5	Palau.BLA/93	L46758	
	Bangkok.THA/93/1	AF079555	
D6	New Jersey.USA/94/1	L46750	
D7	Victoria.AUS/16.85	AF243450	
	Illinois.USA/50.99	AY037020	
D8	Manchester.UNK/30.94	AF280803	
D9	Victoria.AUS/12.99	AF481485	
D10	Kampala.UGA/51.00/1	AY923185	
E	Goettingen.DEU/71“Braxator”	X84879	
F	MVs/Madrid.SPA/94 SSPE	X84865	
G1	Berkeley.USA/83	U01974	
G2	Amsterdam.NET/49.97	AF171232	
G3	Gresik.INO/17.02	AY184217	
H1	Hunan.CHN/93/7	AF045212	
H2	Beijing.CHN/94/1	AF045217	

열간의 유전적 거리와 phylogenetic tree를 추론하였다. 또한, bootstrap 값은 1,000회의 resampled data로부터 추론하였다.

## 결 과

### 경기도내 홍역바이러스의 유행양상

질병관리본부의 자료에 의하면 2014년 1월부터 전국적으로 홍역확진환자가 발생하였으며 7월말까지 549명의 홍역확진환자가 보고되었다. 이 중 경기도내에서는 177명의 홍역확진환자가 발생하였다(Fig. 1).

이 중 본 연구원에서 조사한 경기도내 홍역확진환자의 분포를 살펴보면 부천시 원미구 35건, 부천시 소사구 20건, 파주시 17건, 부천시 오정구 14건으로 많이 분포하였으며, 그 외 다른 시군에서의 발생은 산발적이며 역학조사 결과 특이한 유연관계를 발견할 수 없었다(Fig. 2).

따라서 홍역확진환자가 가장 많이 발생한 부천시를 중심으로 역학적 관련성을 조사해본 결과 부천시 3개구에서 총 69건이 발생하였고, 월별 발생분포를 비교해볼 때 5월에서 7월 사이에 57건(82%)으로, 일정기간에 집중적으로 많이 발생하였음을 알 수 있었다(Table 3).

확진환자의 연령대별 분포상황을 조사해본 결과, 홍역예방

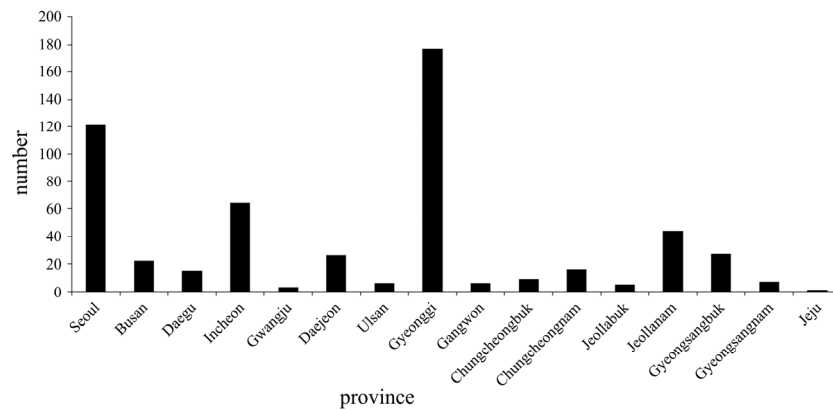


Fig. 1. Number of measles patents in Gyeonggi-Do via Republic of Korea during January 1, 2014.~July 31, 2014.

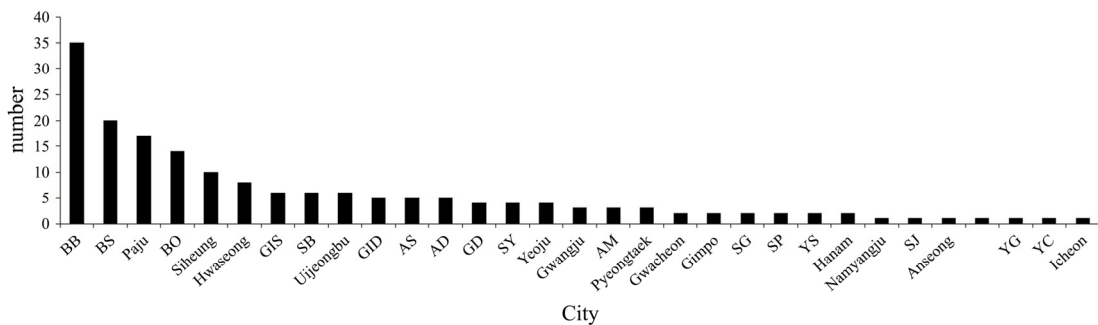


Fig. 2. Distribution of measles patents in Gyeonggi-Do during January 1, 2014.~July 31, 2014.

BS (Bucheon-si, Wonmi-gu), BS (Bucheon-si, Sosa-gu), BO (Bucheon-si, Ojeong-gu), GIS (Goyang-si, Ilsanseong-gu), SB (Seongnam-si, Bundang-gu), GID (Goyang-si, Ilsandong-gu), AS (Ansan-si, Sangrok-gu), AD (Anyang-si, Dongan-gu), GD (Goyang-si, Deogyang-gu), SY (Suwon-si, Yeongtong-gu), AM (Anyang-si, Manan-gu), SG (Suwon-si, Gwonseon-gu), SP (Suwon-si, Paldal-gu), YS (Yongin-si, Suji-gu), SJ (Suwon-si, Jangan-gu), YG (Yongin-si, Giheung-gu), YC (Yongin-si, Cheoin-gu)

Table 3. Month distribution of measles patents in Bucheon-city during January 1, 2014.~July 31, 2014

Month region	Sum	JAN	FEB	MAR	APR	MAY	JUN	JUL
Sum	69	0	2	2	8	26	15	16
Sosa-gu	20	0	2	0	2	7	3	6
Ojeong-gu	14	0	0	1	0	8	3	2
Wonmi-gu	35	0	0	1	6	11	9	8

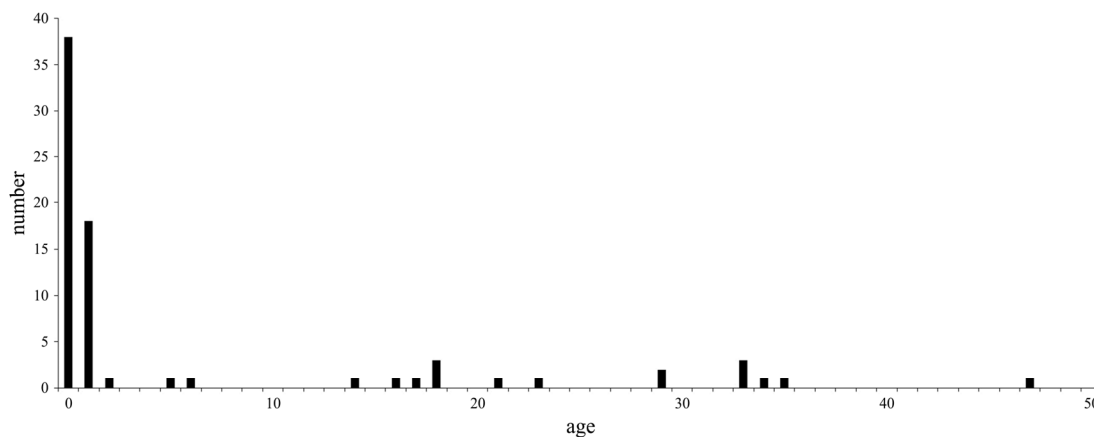
백신을 접종하지 않아 항체미형성 상태인 0~1세에서 56건(81%)으로 가장 많은 분포를 보였다. 또한 1996년부터 2001년까지 출생한 15~20세에서의 다수 발생은 1996년 이후 2차 예방접종이 도입되던 시기에 태어난 세대로서(Yang *et al.*, 2014), 면역이 충분히 형성되지 못한 청소년이 다수 존재함을 보여주는 사례로 판단된다. 그 외 30대 이상에서 발생한 경우는 면역력이 불충분한 홍역확진영아환자의 성인가족들일 것으로 사료된다(Fig. 3).

홍역환자 신고관련 의료기관의 특성을 살펴보면 A병원에서 30건, B병원에서 22건, C병원에서 16건을 신고하여, 각각 40%, 29%, 21% 비율을 나타내며 3기관에서 집중적으로 홍역환자가 발생하였음을 알 수 있었다(Table 4).

따라서, 부천시에서 발생한 홍역확진환자의 경우를 역학적으로 분석해본 결과, 홍역바이러스에 면역력이 불충분한 영아들이 특정 어린이 전문병원들(A, B, C 병원)에서 특정기간 동안 감염원에 의해 감염이 되었고, 면역력이 불충분한 가족과 접촉자들에게 2차 전파를 초래한 것으로 사료된다.

**Table 4. Hospital distribution related to confirmed measles**

Medical institution	Frequency	Percent
A hospital	30	40.00%
B hospital	22	29.30%
C hospital	16	21.30%
D hospital	2	2.70%
E hospital	1	1.30%
F hospital	1	1.30%
G hospital	1	1.30%
H hospital	1	1.30%
I hospital	1	1.30%
Total	75	100.00%



**Fig. 3. Age distribution of Measles patents in Bucheon-city during January 1, 2014. ~July 31, 2014.**

### 홍역바이러스의 유전형 분포양상 및 계통분류학적 분석

2014년 1월부터 2014년 7월까지 검사된 검체 중 RT-PCR에서 홍역바이러스로 확인된 72건에 대하여 세포배양법으로 바이러스를 분리하고, 유전형별 유전적 변이가 가장 많은 nucleoprotein (N) 유전자 부위를 분석하여 유전형을 확인하였다. 세포배양법으로 홍역바이러스를 분리한 결과, 72건의 홍역바이러스 양성 검체 중 60건만이 홍역바이러스의 세포병변을 나타내었고, 홍역바이러스의 유전자 증폭이 가능했다. 세포배양이 불가능했던 12건은 대부분 최초 검사시 적은 수의 바이러스가 검출된 후 보관과정에서 소실되었을 것으로 추정된다.

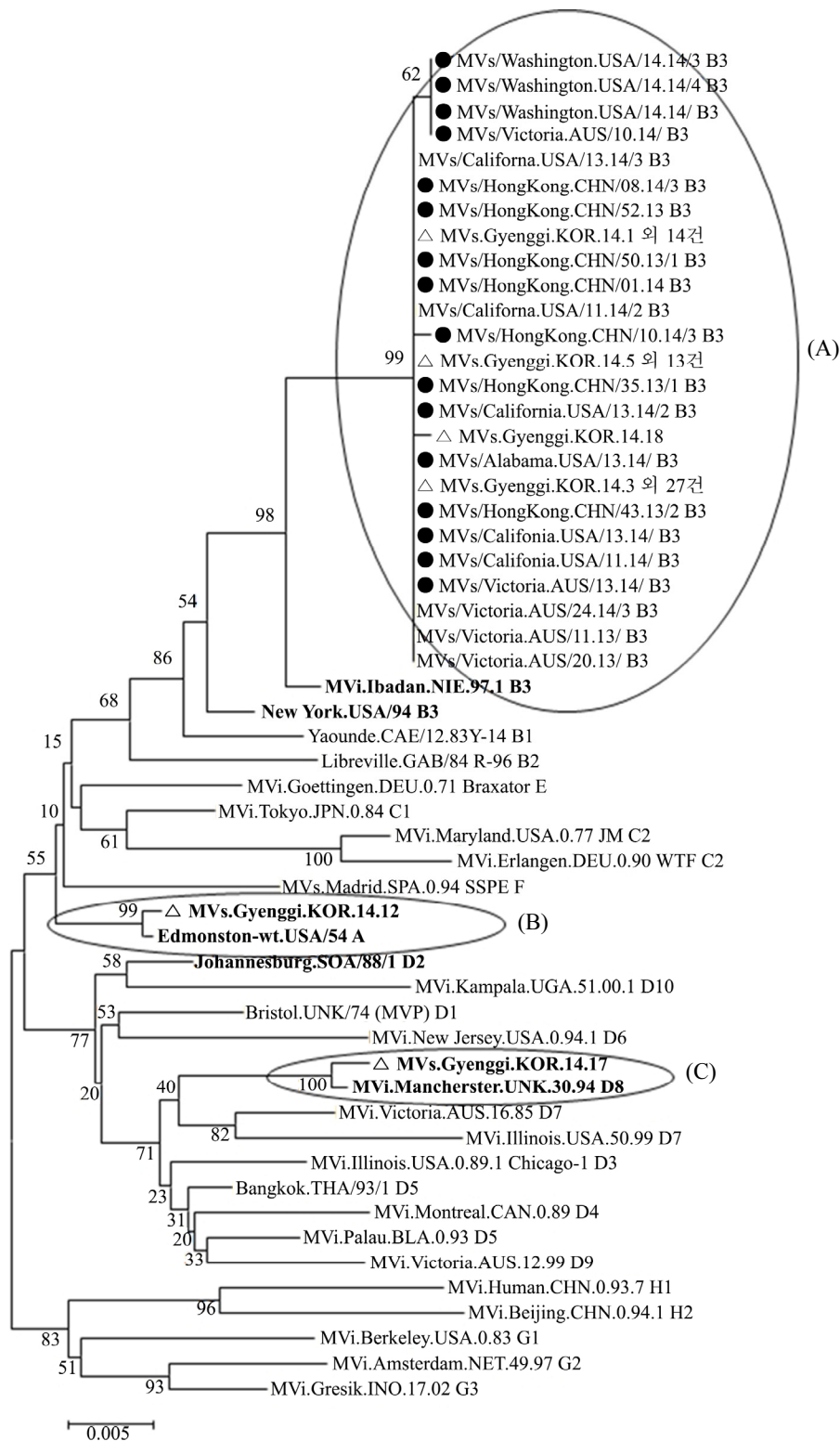
60주의 경기도내 홍역바이러스 분리주로부터 핵산을 추출하고 nucleoprotein (N) 유전자를 증폭, 염기서열 분석 및 BLAST 유전형을 확인하였다. 그 결과, 홍역바이러스 B3 유전형이 58주(96.7%)로 가장 많이 확인되었으며, A 유전형이 1주(1.6%), D8 유전형이 1주(1.6%) 분리되었다(Table 5).

Nucleoprotein (N) 유전자의 계통분류학적 분석 결과, B3 유전형에 속하는 58주는 4개의 그룹으로 나뉘어졌으며 나이저리아에서 1997년 분리된 WHO B3 표준주인 MVi.Ibadan.NIE.97.1주와 98% 일치하였다. 또한 2013년~2014년 필리핀에서 유행하였던 MVs/California.USA/13.14/3 B3주 외 11주와의 염기서열 부위와는 99% 일치하였고 MVs/Washington.USA/14.14/3 B3주 외 3주와는 62% 일치하였다. 이로써 유행지역이었던 필

**Table 5. Genotype distribution of measles virus isolated in Gyeonggi-Do during January 1, 2014. ~July 31, 2014**

Genotype	No. of isolated measles virus (%)
A	1 (1.6)
B3	58 (96.8)
D8	1 (1.6)





**Fig. 4. Phylogenetic tree based on the partial sequences of the nucleoprotein (N) gene. (A) B3 genotype virus, (B) A genotype virus, (C) D8 genotype virus.** The tree was constructed from partial nucleotide sequences of the nucleoprotein (N) gene of measles virus isolated in Gyeonggi-Do. Reference strains of measles virus were selected from GenBank under the accession number indicated in the text. Closed circles (●) represent Philippine related strains, and open triangles (△) represent Gyeonggi strains, respectively. Branch lengths are proportional to the number of nucleotide substitutes and bootstrap probabilities  $\leq 50$  are shown at each adjacent node.

리핀으로부터의 국내 유입주임을 확인할 수 있었다(Fig. 4A).

A 유전형에 속하는 분리주 1건의 계통분류학적 분석결과는 WHO 홍역 A 표준주인 Edmonston-wt.USA/54와 99% 서열의 유사성을 나타냈고, D8 유전형에 속하는 분리주 1건은 WHO 홍역 D8 표준주인 MV<sub>i</sub>.Manchester.UNK.30.94와 100% 일치함을 나타냈다. 이는 홍역 백신주에 의한 효과로서 백신 접종 후 나타나는 증상인 것으로 사료된다.

경기도내에 발생한 홍역의 최초 발생자의 감염원은 명확하게 확인되지 않았으나 홍역 백신주에 의한 2건을 제외한 58건은 모두 B3 유전형이 확인되었다. 우리나라에서 B3 유전형은 2009년 3월 외국인 입국자(리비아)에서 확인된 이후로 국내에서 한번도 확인된 적이 없었고, 2013년에는 일본, 태국, 필리핀에서 보고되었다(Korea Centers for Disease Control and Prevention, 2013a; World Health Organization Western Pacific Region, 2014a). 홍역 유행에서 B3 유전형의 국내 유입 경로는 역학적으로 확인할 수 없었지만, 2013년 외국에서 주로 유행하는 유전형이라는 계통분류학적 분석을 근거로 최초 감염원은 해외유입환자이며, 해외유입 후 지역사회로 전파되었음을 추정할 수 있었다.

결과적으로 경기도내에 발생한 홍역은 미국이나 일본 등 다른 여러 나라에서도 유사한 사례가 보고되었던 것처럼(Takahashi *et al.*, 2014; Takuri *et al.*, 2014) 해외여행 등으로 인한 필리핀 여행자가 감염되어 국내에 들어와서 발병하였으며, 병원 내에서 면역이 불충분한 영아들을 중심으로 2차적으로 전파된 것으로 사료된다.

## 고 찰

2014년 1월부터 2014년 7월까지 경기도내 홍역확진환자 대상으로 사례조사서를 분석하여 유행양상을 파악하고, 홍역 바이러스의 유전형 및 분포양상을 조사하였다.

1. 홍역확진환자는 부천시 원미구 35건, 부천시 소사구 20건, 파주시 17건, 부천시 오정구 14건 순으로 발생하였다. 그 외 다른 시군에서의 발생은 산발적이며 역학조사 결과 특이한 유연관계를 발견할 수 없었다.
2. 확진환자의 연령대별 분포상황은 홍역예방백신을 접종하지 않아 항체미형성 상태인 0~1세에서 56건(81%)으로 가장 많은 분포를 보였다.
3. 홍역확진환자 177명 중 60건에 대한 유전형을 조사한 결과, 홍역바이러스 B3 유전형이 58주(96.7%)로 가장 많이 확인되었다.

4. 계통분류학적 분석 결과, B3 유전형에 속하는 58주는 2013년~2014년 필리핀에서 유행하였던 MVs/California.USA/13.14/3 B3주 외 11주와의 염기서열 부위와는 99% 일치하였다.

## 적 요

홍역바이러스(Measles virus)는 전염성이 매우 높은 발진성 열병을 일으키는 바이러스이며, 약독화된 생백신 접종으로 충분히 예방할 수 있다. 그러나 대부분의 개발도상국에서 어린이들의 주요 사망원인이며 해마다 20만명이 사망하는 풍토병이다.

우리나라는 1996년 이후부터 국가적으로 시행된 정기예방접종으로 인한 높은 백신 접종률(>95.0%)로 획득된 집단면역과 고도의 기술적 감시체계의 결과로 홍역이 퇴치되었으며, 2014년 3월 WHO로부터 ‘홍역퇴치국가’로 인증 받았다. 그러나 2014년 초부터 경기도에서 홍역환자가 다시 발생하였다.

본 연구에서는 2014년 1월부터 2014년 7월까지 경기도에서 발생한 홍역 확진 환자를 대상으로 홍역바이러스의 유행양상 및 유전형 분포양상을 분석하였다. 72건의 홍역바이러스 양성 검체에서 60주의 홍역바이러스를 분리하였고, nucleoprotein (N) 유전자의 염기서열 분석을 통하여 유전형의 확인 및 유전자변이를 분석하였다. 총 60건의 홍역 확진검체를 분석한 결과 58건(96.7%)에서 B3 genotype을 확인하였다. 또한 nucleoprotein (N) 유전자 부위의 유전자 변이 분석결과, 경기도내 분리주들이 2013년에서 2014년 필리핀에서 유행한 홍역 분리주들과 99% 일치하였다. 따라서 필리핀 등에서 감염된 후 국내에 유입되어 2차 감염이 된 것으로 사료된다.

## 감사의 말

실험에 도움을 주신 질병관리본부 국립보건원 호흡기바이러스과와 역학조사에 도움을 주신 이의준 경기도역학조사관님께 감사드립니다.

## References

- Bellini, W.J. and Rota, P.A. 1998. Genetic diversity of wild-tupe measles virus: implications for global measles elimination programs. *Emerg. Infect. Dis.* **4**, 29-35.

- de Quadros, C.A., Olive, J.M., Hersh, B.S., Strassburg, M.A., Henderson, D.A., Brandling Bennett, D., and Alleyne, G.A. 1996. Measles elimination in the Americas. Evolving strategies. *JAMA* **275**, 224-229.
- Korea Centers for Disease Control and Prevention. 2013a. Status of measles after declaration on measles elimination in Korea, 2006-2011. *Public Health Wkly Rep.* **6**, 41-45.
- Korea Centers for Disease Control and Prevention. 2013b. Progress toward measles elimination in the Republic of Korea 2008-2013 Sep.
- Riddell, M.A., Rota, J.S., and Rota, P.A. 2005. Review of the temporal and geographical distribution of measles virus genotypes in the prevaccine and postvaccine eras. *Viol. J.* **2**, 87.
- Rota, P.A., Brown, K.E., Hubschen, J.M., Muller, C.P., Lcenogle, J., Chen, M.H., Bankamp, B., Kessler, J.R., Brown, D.W., Bellini, W.J., *et al.* 2011. Improving global virologic surveillance for measles and rubella. *J. Infect. Dis.* **204**, S506-S513C.
- Sondes, H.B., Mofteh, R., Mohamed, N.S., and Ahlem, B.Y. 2010. Genetic characterization of clade B measles viruses isolated in Tunisia and Libya 2002-2009 and a proposed new subtype within the B3 genotype. *Virus Res.* **153**, 258-264.
- Takahashi, T., Arima, Y., Kinoshita, H., Kanou, K., Saitoh, T., and Sunagawa, T. 2014. Ongoing increase in measles cases following importations. Japan, March 2014. *Western Pac. Surveill. Response J.* **5**, 31-33.
- Takuri, T., Yuzo, A., Hitomi, K., Kazuhiko, K., and Takehito, S. 2014. Measles-rubella bulletin. Manila, Philippines: World Health Organization Western Pacific Regional Office.
- Wolfson, L., Grais, R.F., Luquero, F.J., Birmingham, M.E., and Strebel, P.M. 2009. Estimates of measles case fatality ratios: a comprehensive review of community-based studies. *Int. J. Epidemiol.* **38**, 192-205.
- World Health Organization. 2005. New genotype of measles virus and update on global distribution of measles genotype. *Wkly. Epidemiol. Rec.* **89**, 347-351.
- World Health Organization Western Pacific Region. 2014a. *Measles Rubella Bulletin.* **8**, 1-8.
- World Health Organization Western Pacific Region. 2014b. Four Western Pacific countries and areas are the first in their Region to be measles-free. News release. Available at: <http://www.wpro.who.int/mediacentre/releases/2014/20140320/en/> (accessed June 17, 2014).
- Xu, W., Tamin, A., Rota, J.S., Zhang, L., Bellini, W.J., and Rota, P.A. 1998. New genetic group of measles virus isolated in the People's Republic of China. *Virus Res.* **54**, 147-156.
- Yang, T.U., Kim, J.W., Eom, H.E., and Oh, H.K. 2014. Resurgence of measles in a country of elimination: interim assessment and current control measles in the Republic of Korea in early 2014. *Int. J. Infect. Dis.* **33**, 12-14.