

조류인플루엔자(AI) 바이러스의 분류

출처 : 양계연구 / 글 농림축산검역본부
조류인플루엔자연구진단과 이윤희 수의연구사

조류인플루엔자 바이러스의 분류

인플루엔자 바이러스(Influenza Virus)는 orthomyxoviridae과(과(科, Family)에 속하는 RNA 바이러스로서 A, B, C 등 3가지 혈청형으로 구분되며, 현재까지 알려져 있는 모든 조류인플루엔자 바이러스는 'A형'에 속한다. 그 중 B형과 C형 인플루엔자는 사람에서만 감염이 확인되고 있으나, A형 인플루엔자는 사람, 돼지, 말, 기타 포유류 및 다양한 종류의 야생조류와 가금에서 감염이 확인되고 있다.

조류인플루엔자 바이러스는 표면 항원인 헤마글루티닌(hemagglutinin, HA) 및 뉴라미니다제(neuraminidase, NA) 단백질에 의해 혈청아형(subtype)이 분류된다. 현재까지 총 16종의 HA 단백질과 9종의 NA단백질이 확인되어, 이론적으로 총 144종의 서로 다른 아형의 조류인플루엔자 바이러스가 존재할 수 있다.

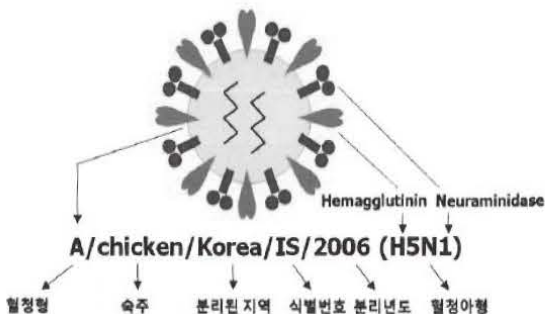


그림1. 조류인플루엔자 바이러스의 명명법

조류인플루엔자 바이러스의 명명법

조류인플루엔자 바이러스의 명명법은 모든 인플루엔자 바이러스를 위해 표준화되어 있다. 그림 1에서와 같이 항원형, 바이러스가 분리된 숙주, 분리된 지역, 바이러스의 식별번호, 분리년도 및 아형 등의 정보를 차례대로 나열하여 표시한다. 단, 사람에서 분리된 경우에는 숙주 동물명을 생략한다. 예를 들어 2017년 11월 전북 고창군 흥덕면 육용오리 농장에서 분리된 바이러스의 이름은 'A/duck/Korea/HD1/2017(H5N6)'이다.

조류인플루엔자 바이러스의 구성과 항원적 변이

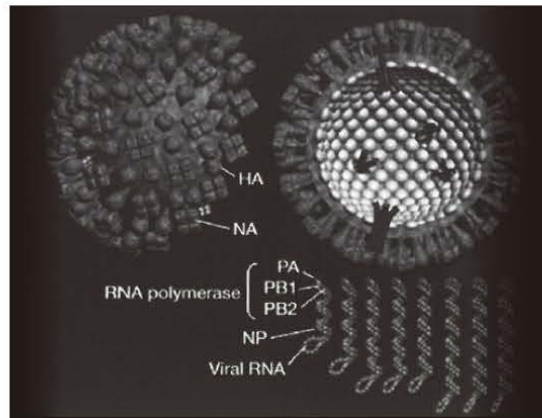
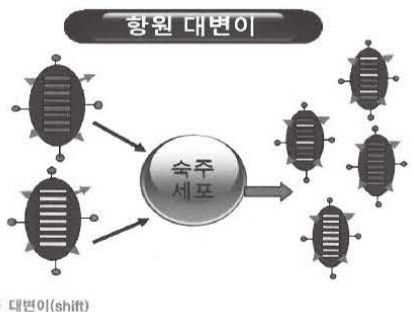


그림2. A형 인플루엔자 바이러스의 구성 (출처 : Nature 459, 2009)

조류인플루엔자 바이러스는 8개의 RNA 유전자 분절을 가지며, 이 분절된 유전자들이 총 10개의 바이러스 단백질을 생산한다. RNA 유전자 분절을 복제하는 과정에는 교정(proofreading) 기능이 없기 때문에, 증식과정에서 자연적으로 유전자의 점변이(point mutation)가 발생한다. 표면 단백질인 HA와 NA 단백질에서 이러한 유전적 변화가 축적되면 소규모의 항원성 변화, 즉 항원 소변이(antigenic drift)로 이어진다. 이외에도 유전적 삽입(genetic insertion)에 의해 항원 소변이가 발생하기도 한다. 반면, 항원 대변이(antigenic shift)는 두 가지 이상의 인플루엔자 바이러스가 동일한 세포에 감염되어, 복제과정에서 바이러스 유전자간의 재편성(reassortment)이 일어나 새롭게 재조합되는 것

조류인플루엔자 바이러스의 병원형

조류인플루엔자 바이러스의 자연숙주는 본래 오리, 갈매기 등과 같은 야생물새류로 알려져 있다. 그중 야생 오리류, 특히 기러기목(Anseriformes)과 도요목(Charadriiformes)에서는 가장 다양한 혈청형의 바이러스가 검출되며, 일반적으로 명확한 임상증상 없이 바이러스를 위장관을 통해 배출하는 것으로 알려져 있다. 계절에 따라 이동하는 습성 때문에 야생 물새류는 번식지와 월동지를 오가며 조류인플루엔자의 보급과 전파의 주요한 원인으로 지목된다. 야생 물새류와는 달리 순계목(Galliformes)에 속하는 닭과 칠면조는 조류인플루엔자의 자연숙주가 아니다. 따라서 닭과 칠면조에 조류인플루엔자가 감염될 경우, 본래 숙주가 아닌 환경에서 증식하기 위한 적응과정의 하나로 유전자의 변이 및 병원성의 변화가 나타난다. 조류인플루엔자는 닭에서의 병원성에 따라 크게 저병원성과 고병원성의 두 가지 병원형으로 구분된다. 세계동물보건기구(OIE)에서는 정맥 내 병원성 지수(Intravenous Pathogenicity Index, IVPI)가 6주령 닭에서 1.2 이상이거나 4~8주령 닭에서 75% 이상의 폐사율을 보이는 경우, 이



↑ 대변이(shift)
인플루엔자 바이러스의 항원 소변이(drift)와 대변(shift)

바이러스를 고병원성 조류인플루엔자 바이러스로 분류한다고 정의하였다.

이와 같이 '고병원성 조류인플루엔자'라는 단어 자체가 닭에서 병원성이 높은 조류인플루엔자임을 의미하고 있다. 우리나라에서 많이 사육하고 있는 오리는 조류인플루엔자의 자연 보유 숙주에 속하므로 닭에 비해 상대적으로 임상증상이 쉽게 발현되지 않는다. 따라서 오리에서의 임상증상을 기준으로 하여 조류인플루엔자 바이러스의 병원성을 평가하는 우를 범하지 말아야 하겠다.

현재까지 고병원성 조류인플루엔자 바이러스로 분류된 바이러스는 H5 및 H7형에 속하는 것으로 알려져 있지만, 모든 H5 및 H7형의 조류인플루엔자 바이러스가 모두 고병원성인 것을 의미하지는 않는다. 그러나 저병원성의 병원형을 보유하고 있더라도 H5 및 H7형 조류인플루엔자 바이러스는 닭과 칠면조에 지속적인 감염이 발생할 경우, 적응 단계에서 유전자의 급격한 변이를 거치며 일부가 고병원성의 특성을 획득하는 것으로 알려져 있다. 따라서 우리나라에서는 가금류에서 발견된 H5 및 H7형 조류인플루엔자 바이러스가 저병원성이라 할지라도 방역조치를 취하고 있다.

H5형 고병원성 조류인플루엔자

1996년 중국 광둥 지방의 거위 농장에서 처음으로 H5N1형 고병원성 조류인플루엔자(HPAI)가 검출된 이래, 이 바이러스는 지속적인 변이와 전파를 거치며 현재는 아시아뿐만 아니라 유럽, 아

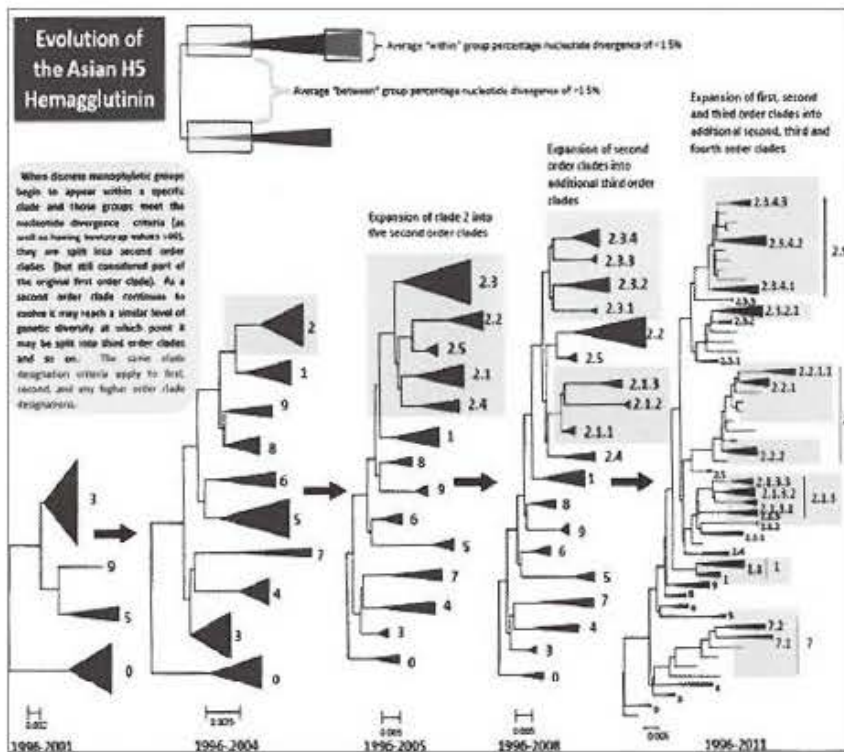
프리카 및 북아메리카까지 그 활동영역을 넓히고 있다. H5형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스의 진화와 재조합이 거듭되며 너무나 다양한 종류의 바이러스가 발견되고 학자들마다 서로 다른 방식으로 계통을 표시하기 시작하자, 세계보건기구(WHO), 세계동물보건기구(OIE), 유엔식량농업기구(FAO) 및 학계의 대표자들이 그룹(WHO/OIE/FAO H5N1 evolution working group)을 구성하여 전 세계적으로 통용되는 분류시스템인 '클레이드(clade)'의 기준을 설정하였다. 클레이드는 계통발생학적 특징과 HA 유전자 상동성을 기준으로 분류한다. 2008년 초, H5형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스는 20개의 서로 다른 클레이드로 분류되었으며, 이후 지속적으로 새로운 바이러스들이 발견됨에 따라 추가적으로 클레이드 분류를 실시하고 있다.

분류상 같은 클레이드에 속하는 바이러스라고 할지라도, H5형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스는 고유의 특성상 유전자 조합에 따라 서로 다른 특성을 보인다. 2016년 말 우리나라 가금산업에 큰 타격을 입힌 H5N6형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스와 2017년 말 새로 발견된 H5N6형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스는 혈청아형도 동일할 뿐만 아니라 두 바이러스 모두 클레이드 2.3.4.4에 속하지만 바이러스의 구성은 완전히 다른 형태를 지니고 있다. 2016년 말에 발생한 H5N6형 바이러스는 이미 중국 가금류에서 유행하고 있던 클레이드 2.3.4.4 그룹 C에 속하는 바이러스 일부가 유입된 것이지만, 2017년 말에 발생한 H5N6형 바이러스는 2016~2017년 동절기에 유럽에서 유행했던 클레이드 2.3.4.4 그룹 B의 바이러스에 야생조류

유래 저병원성 조류인플루엔자 바이러스의 유전자 재조합된 새로운 형태이다.

이처럼 지속적인 재조합과 진화를 거듭하고 있는 고병원성 조류인플루엔자 바이러스 2014년 이후로 매년 동절기 철새 이동에 따라 우리나라에 유입되어 심각한 피해를 입히고 있다. 바이러스의 유입이 계속적으로 이루어지는 상황인 만큼 농가에서는 특히 동절기에 경계심을 가지고 자율방역을 실천해야 한다. 사육농가에서는 농장 내·외부 소독을 실시하고, 농장 출입 시에는

반드시 옷을 갈아입고 신발을 소독하는 등 차단 방역에 철저를 기해야 한다. 또한 고병원성 조류인플루엔자가 의심될 경우 조기신고(1588 4060, 1588 9060)에 의한 발생농장의 계군 살 처분 등 신속히 오염원을 제거하고 발생지역을 중심으로 차단방역조치를 수행하여 피해를 최소화해야한다. 초동방역의 실패는 또다시 국내 가금 산업에, 더 나아가서는 우리나라 경제에 엄청난 피해로 연결됨을 명심해야 하겠다.



H5형 고병원성 조류인플루엔자 바이러스의 HA의 진화와 클레이드 분류 (출처 : WHO, Updated unified nomenclature system for the highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses)