 보건복지부 질병관리본부		<h1>보 도 참 고 자 료</h1>	
배 포 일	2018. 5. 23. / (총 4 매)	담당부서	고위험병원체분석과
과 장	이 기 은	전 화	043-719-8270
담 당 자	전 정 훈/최 명 민		043-719-8271/8275

국내 최초 유비저 임상분리균주 유전체 분석 참조균주로 활용 기대

- ◇ 질병관리본부, Genome Announcements 논문 통해 국내 최초 유비저 임상분리균주 유전체 분석 결과 보고
- ◇ 해외유입 감염병인 유비저 진단 참조균주로 활용 기대

□ 질병관리본부(본부장 정은경)는 지난 2003년 국내 최초로 분리되었던 ‘유비저균(*Burkholderia pseudomallei*) H0901’에 대한 유전체 염기서열 분석결과를 기술한 논문이 미국 미생물학회(American Society of Microbiology, ASM)에서 발간하는 **Genome Announcements** 인터넷판에 게재되었다고 밝혔다.

○ 유비저는 주로 동남아시아에서 감염된 후 국내로 유입된 환자가 매년 꾸준히 발생되고 있는 질병으로, 2010년 제4군 법정감염병으로 지정·관리 되고 있다.

□ 특히 이번 논문에서 분석된 유비저균 H0901*은 말레이시아에서 감염된 후 국내 유입된 환자로부터 최초 분리되었다.

* 해당 균주 게놈 사이즈는7Mbp로 두 개의 유전체로 구성되어 있고, 약 7,303개의 유전자가 존재함

○ 고위험병원체분석과 이기은 과장은 “동남아 방문 여행객의 유비저 감염에 대한 주의를 당부”하면서, “유비저균 H0901은 향후 국내 유비저 진단 참조 균주로 활용할 예정”이라고 밝혔다.

- <붙임> 1. 유비저 질병정보 및 국내 발생 현황
2. 유비저균 유전체 분석

붙임 1

유비저 질병정보 및 국내 발생 현황

- 유비저 개요
 - 유비저(Melioidosis)는 그람음성간균인 버크홀데리아 슈도말레이(*Burkholderia pseudomallei*)에 의해 발병하는 세균성 감염병
 - 동남아시아나 호주 북부 지역에서 높은 풍토성을 가짐
 - 2010년 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」에 의해 제4군감염병으로 지정되어 감시체계상 신고대상 질환으로 분류된 이후 매년 감염사례가 증가 추세
 - 해외여행객이 증가함에 따라 동남아시아 등 유비저 발생지역 방문 여행객들의 주의가 요구되며, 세계적인 기상이변으로 국내 발생 가능성이 있음
- 증 상
 - 국소 감염, 폐감염, 혈행성 감염, 파행성 감염
 - 고위험군: 당뇨, 간질환, 신장질환, 지중해빈혈(Thalassemia), 암, 면역저하자, 만성 폐질환(낭성 섬유증, 만성폐쇄성질환(COPD), 기관지확장증), 스테로이드 장기투여자
- 전파경로
 - 오염된 토양이나 물에 직접 노출-흡입, 흡인, 경구 섭취, 상처를 통해 감염
 - 드물지만 감염된 사람의 혈액이나 체액에 의한 감염도 가능
- 잠복기
 - 1일 ~ 21일이나 노출부터 증상까지 수년이 경과하는 경우도 있음
- 사람간 전파
 - 사람-사람 간 전파는 매우 드물
 - 감염된 환자의 혈액이나 체액 접촉을 통해 발생할 수 있음
- 호발대상
 - 동남아시아(태국, 말레이시아, 캄보디아, 라오스, 베트남) 또는 호주 북부 (특히, 우기) 여행객
- 치료
 - 항생제 치료를 하면서, 보존적 치료 병행. 필요한 경우 농양의 수술적 배액

- 다른 항생제에 반응하지 않는 경우가 많으며, 치료시기가 늦어질수록 사망률이 증가하기 때문에 빠른 진단과 신속한 치료가 예후에 매우 중요

○ 예방

- 피부병변이 있거나 고위험군(당뇨, 만성신장질환자)은 흙 또는 토양에 고여 있는 물과 접촉하지 않도록 주의
- 농업에 종사하는 사람은 긴 장화를 신고 작업해야 함
- 의료기관 종사자는 유비저 환자 진료 시 마스크, 장갑, 가운 등을 착용

○ 국내 발생 현황

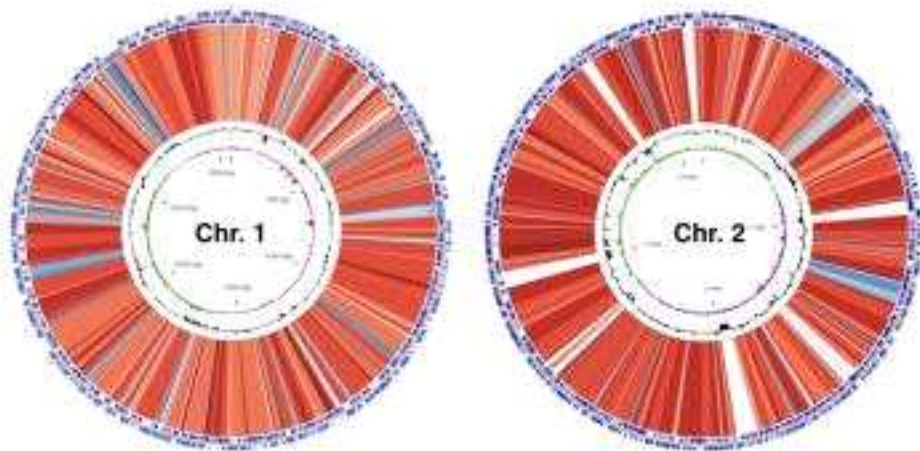
연도	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
발생(명)	2	1	0	2	2	4	4	2

붙임 2

유비저균 유전체 분석

□ 유비저균 H0901 유전체 분석 결과

- 유비저균 H0901의 최종 게놈 사이즈는 7Mbp 이며, GC 컨텐츠는 68.2%임을 확인
- NCBI PGAP (National Center for Biotechnology Information Prokaryotic Genome Annotation Pipeline, 미국 생물정보학 센터 원핵생물 게놈 분석 파이프라인)를 이용하여 분석한 결과 7,303개의 유전자가 존재하는 것으로 예측됨



[그림 1] 유비저균 H0901 유전체 지도