Korean Journal of Environmental Biology

Original article

https://doi.org/10.11626/KJEB.2019.37.4.474

Korean J. Environ. Biol.
37(4) : 474-482 (2019)
ISSN 1226-9999 (print)
ISSN 2287-7851 (online)

2018년 국내 연근해 수산생물의 전염병 모니터링

황성돈*, 이다원, 천원주, 전해련, 김동준, 황지연, 서정수, 권문경, 지환성[1], 김정년[1], 지보영

국립수산과학원 수산방역과, [1]국립수산과학원 수산자원연구센터

Disease monitoring of wild marine fish and crustacea caught from inshore and offshore Korea in 2018

Seong Don Hwang*, Da-Won Lee, Won Joo Chun, Hae-Ryeon Jeon, Dong Jun Kim, Jee-Youn Hwang, Jung-Soo Seo, Mun-Gyoung Kwon, Hwan-Sung Ji[1], Jung Nyun Kim[1] and Bo-Young Jee

Aquatic Disease Control Division, National Institute of Fisheries Science, Busan 46083, Republic of Korea
[1]Fisheries Resources Research Center, National Institute of Fisheries Science, Tongyeong 53064, Republic of Korea

***Corresponding author**
Seong Don Hwang
Tel. 051-720-3042
E-mail. sdhwang@korea.kr

Received: 29 August 2019
Revised: 4 October 2019
Revision accepted: 11 October 2019

Abstract: Disease monitoring in wild aquatic animals is necessary to obtain information about disease occurrence, disease agents, and the transmission of diseases between wild and cultured species. In this study, we monitored viral diseases in wild marine fish and crustacea caught by trawl in Korea in April and October 2018. We monitored the viral diseases in 977 fish from 39 different species and 287 crustacea from 14 different species. In fish, we collected kidney and spleen to detect viral hemorrhagic septicemia virus (VHSV), red sea bream iridovirus (RSIV), marine birnavirus (MABV), hirame rhabdovirus (HRV), and lymphocystis disease virus (LCDV). In crustacea, we monitored white spot syndrome virus (WSSV), infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHHNV), taura syndrome virus (TSV), infectious myonecrosis virus (IMNV), yellowhead disease virus (YHDV), and white tail disease virus (WTDV) using pleopods, pereiopods, gills, muscle, and hepatopancreases. Although none of the viral diseases tested in this study were detected in the samples, these results will help disease control between aquaculture species and wild aquatic animals.

Keywords: disease monitoring, wild aquatic animal, viral disease, freedom from disease

서 론

지구온난화에 따른 기후변화는 수온, 염분, 해수면 등의 환경을 지속적으로 변화시켜 수산생물질병 발생을 증가시키는 중요한 요인이 되며 병원체 및 생물의 특성변화, 질병 발생 동태 또는 숙주 범위 확대 등을 유발할 수 있다. 또한 수산물 교역 등을 통하여 해외 악성 전염병이 국내에 유입되어 정착하게 되면, 그 이후에는 치료 또는 박멸에 많은 어려움이 발생한다. 따라서 국내에서는 수산생물전염병의 전파 및 확산을 방지하기 위하여 수산생물질병관리법이 2008년부터 시행되고 있으며, 이에 따라 종합적인 수산생물전염병의 관리체계를 마련함으로써 수산생물의

 ©2019. Korean Society of Environmental Biology.

안정적인 생산·공급과 수생태계를 보호하고 있다. 수산생물전염병 발생의 사전 예방을 위한 수산생물전염병 감시의 중요성이 증대됨에 따라 수산생물전염병의 조기 발견, 신고체계, 질병 발생, 역학에 관한 체계적인 정보 수집 및 분석을 통한 시스템이 구축되어 있다. 현재 양식장의 수산생물을 대상으로 집중적인 방역 관리를 실시하고 있으며, 국제적으로도 수산생물의 방역관리 대상이 양식장뿐만 아니라 자연수계까지 관심이 증대되고 있다.

질병에 감염된 자연수계의 수산생물 또는 물에 포함된 병원체가 양식장내로 유입되어 해당 생물에 질병을 전파될 가능성이 높다. 이와 반대로 질병에 감염된 양식생물 및 오염된 사육수가 자연수계로 배출됨에 따라 자연수계 수산생물에 질병을 전파할 수 있는 가능성이 있다. 그러므로 양식 수산생물뿐만 아니라 자연수계 수산생물에 대하여 국내외적으로 많은 질병 모니터링 연구가 활발히 진행되고 있다(Lee *et al.* 2006; Lee *et al.* 2007; Cho *et al.* 2008, 2009; Kim *et al.* 2011; Park *et al.* 2012; Mun *et al.* 2018). 바이러스성출혈성패혈증(Viral haemorrhagic septicaemia; VHS)은 자연수계 해산 어류에서 분리된바 있으며 VHSV에 감염된 자연수계의 어류를 감염되지 않은 양식어류에 생사료로 공급할 경우 감염 매개체가 될 수 있음을 시사하였다(Stone *et al.* 1997; Skall *et al.* 2005). 흰반점병(White spot disease; WSD)이 발병한 미국 루이지애나주 소재 가재 양식장 인근의 자연수계 가재에서도 WSSV(White spot syndrom virus)가 검출되었으며(Baumgartner *et al.* 2009) 최근 2017년 스웨덴 및 영국의 자연수계 연어 및 잉어에서 자일로닥틸루스 살라리스(*Gyrodactylus salaris*) 감염증 및 잉어봄바이러스병(Spring viraemia of carp; SVC)이 발병하여 예찰 등의 방역활동을 강화하였다(OIE 2017).

연근해 및 양식 수산생물의 질병 발생에 대한 관련성 및 상관관계 구명은 질병 발생 예방 및 확산 방지에 매우 중요한 역할을 한다. 그 일환으로 질병 모니터링은 질병의 발생을 감시하고 자국 내 특정 질병에 대해 무병하다는 청정국 또는 청정지역 선언에 기초자료로 활용될 수 있다. 본 연구에서는 국내 연근해의 어류를 대상으로 법정전염병 2종(바이러스성출혈성패혈증(VHS), 참돔이리도바이러스병(Red sea bream iridoviral disease; RSIVD)) 및 비법정전염병 3종(마린버나바이러스병(Marine birnavirus disease; MABVD), 히라메랍도바이러스병(Hiramerhabdovirus disease; HRVD), 림포시스티스병(Lymphocystics disease; LCD))과 갑각류를 대상으로 법정전염병 6종(흰반점병(WSD), 전염성피하및조혈기괴사증(Infectious hypodermal and haematopoietic necrosis; IHHN), 타우라증후군(Taura syndrome; TS), 전염성근괴사증(Infectious myonecrosis; IMN), 노랑머리병(Yellowhead disease; YHD), 흰꼬리병(White tail disease; WTD))의 보유 또는 감염 상황에 대한 정보를 제공하고자 한다.

재료 및 방법

1. 시료 채취

국립수산과학원은 국내 해역의 자원량 조사를 위하여 근해어업조사를 연 2회 실시하고 있다. 2018년 4월과 10월에 탐구 20호, 21호, 22호의 저층트롤로 채취한 근해어업조사 시료 중 각 해구에서 채취된 어류와 갑각류 중 채집비율이 높은 품종을 전염병 모니터링 대상 생물로 선정하였다(Table 1). 시료가 채취된 해구는 Fig. 1에 나타내었으며 조사에서 채취된 시료는 −60°C에 보관하고 조사완료 후 실험실로 운반하여 −80°C에 보관하였다. 채취된 수산생물은 크기를 측정하고 체표 및 해부 후 내부 장기를 관찰하여 전염병 감염여부에 대한 임상증상을 확인하였다. 어류는 해부하여 신장, 비장, 뇌를 적출하고 갑각류는 부속지, 근육, 아가미, 간췌장을 적출하였다. PCR 검사를 위하여 각 5마리씩 pooling하여 전염병 감염 또는 보유 유무를 분석하였다.

2. 핵산 분리 및 PCR

적출된 조직은 Biomek NX^P (Beckman Coulter, USA)을 이용하여 제조사의 프로토콜에 따라 핵산을 추출하고 어류는 VHS, RSIVD, MABVD, HRVD, LCD를, 갑각류는 WSD, IHHN, TS, IMN, YHD, WTD에 대하여 PCR을 실시하였다. PCR mixture 조성 및 PCR 조건은, 법정전염병(VHS, RSIVD, WSD, IHHN, TS, IMN, YHD, WTD)의 경우 「수산생물병성감정지침서」에 따라 분석하였으며, 비법정전염병(MABVD, HRVD, LCD)은 이전에 보고된 논문의 방법에 따라 분석을 실시하였으며 세부사항은 Table 2와 같다. RNA 바이러스의 경우 iScript cDNA synthesis kit (Bio-Rad, USA) 또는 superscript IV revers transcriptase (Thermo Fisher

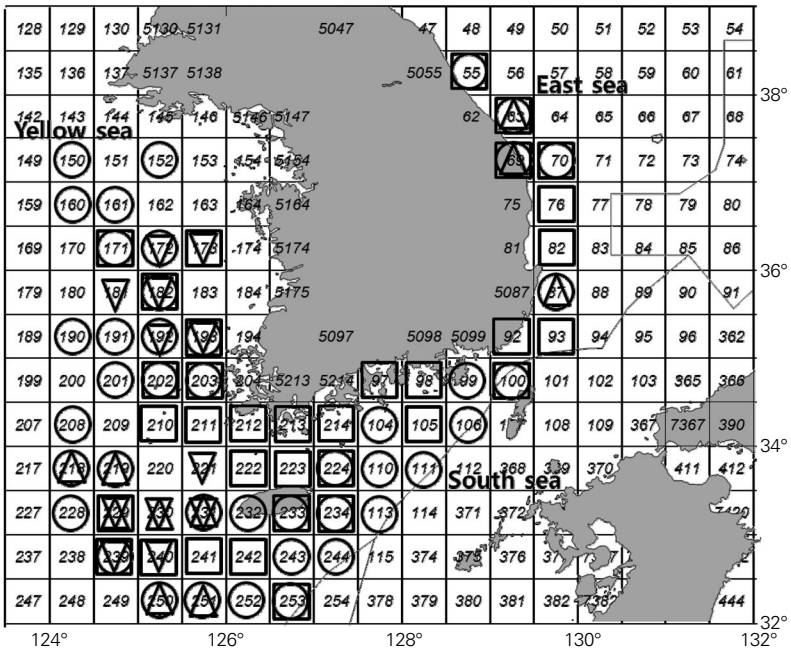

Fig. 1. Sampling areas for disease monitoring of wild marine fish and crustacea (○, fish caught in April; △, crustacean caught in April; □, fish caught in October; ▽, crustacean caught in October).

Scientific, USA)를 이용하여 cDNA 합성 후 PCR을 실시하였다. 각 PCR은 3번 반복 수행하였으며 음성대조구는 D.W.를 첨가하고 양성대조구는 국립수산과학원에서 제작한 양성표준물질을 사용하였다. PCR 산물은 QIAxcel (Qiagen, Germany)을 이용하여 전기영동을 실시하였다.

결과 및 고찰

1. 수산생물전염병 모니터링 조사 품종

2018년 4월에는 해구 44개소에서 어류 29종 582마리 및 갑각류 11종 127마리를 모니터링 대상품종으로 선정하여 총 709마리를 분석하였고 2018년 10월에는 해구 40개소에서 어류 24종 395마리 및 갑각류 7종 160마리를 모니터링 대상품종으로 선정하여 총 555마리를 분석하였다. 종합적으로 살펴보면, 2018년 해구 64개소에서 어류 39종 977마리 및 갑각류 14종 287마리를 선정하여 총 1,264마리에 대하여 병원체 감염 여부를 조사하였다. 어류에서는 전갱이 139마리(11.0%), 참조기 103마리(8.1%), 반지 101마리(8.0%), 꼬치고기 57마리(4.5%), 대구 42마리(3.3%), 반딧불게르치 40마리(3.2%), 보구치 40마리(3.2%), 도루묵 35마리(2.8%) 순으로 높은 비율로 조사가 이루어졌으며 농어목 어류가 높은 비율을 차지하고 있었다. 갑각류에서는 가시발새우 61마리(4.9%), 마루자주새우 38마리(3.0%), 꽃새우 38마리(3.0%) 순으로 나타났다.

2. 수산생물전염병 모니터링 결과

1) 어류 전염병 모니터링

본 연구에서는 국내 연근해에서 채취된 수산생물에 대하여 PCR법으로 법정전염병 및 비법정전염병 감염 보유유무를 조사하였다. VHS와 RSIVD는 해산어류에 많은 피해를 유발하는 질병으로 우리나라에서는 수산생물질병관리법 상 전염병으로 지정하여 관리하고 있다. VHS는 유럽, 미국, 아시아 등 다양한 국가의 해산 및 담수산 어류에 감수성이 있으며 복부출혈, 복수 등의 증상을 동반하고 지역적 특성에 의해 4개의 유전형을 가지고 있다. 국내에서 분리되는 VHS는 genotype 4a로서 넙치에서 주로 발병하며 2000년 이전까지 국내 해산 및 담수산 어류에서 발생보고가 없었지만 그 이후 넙치(*Paralichthys olivaceus*) 양식장에서 최초 발생하여 양식 넙치에 광범위하게 확산되어 겨울과 봄 기간 동안 치어 및 상품크기에 많은 폐사를 유발하였다(Kim *et al.* 2003; Kim *et al.* 2009; Hwang *et al.* 2018). 국

 ©2019. Korean Society of Environmental Biology.

Table 1. Investigated fish and crustacea for the detection of target diseases in this study

Order	Common name	Scientific name	Number of sample			Average size of sample	
			April	October	Total	Length (cm)	Weight (g)
Fish							
Anguilliformes	Finned worm eel	*Echelus uropterus*	10	–	10	43.4	70.7
Clupeiformes	Common hairfin anchovy	*Setipinna tenuifilis*	81	20	101	14.1	18.5
	Japanese anchovy	*Engraulis japonicus*	11	–	11	15.3	41.7
	Kammal thryssa	*Thryssa kammalensis*	10	–	10	11.8	13.4
	Pacific herring	*Clupea pallasii*	25	–	25	27.0	144.2
Gadiformes	Pacific cod	*Gadus macrocephalus*	10	32	42	17.3	50.0
Lophiiformes	Yellow goosefish	*Lophius litulon*	2	–	2	17.9	162.9
Ophidiiformes	Armored brotula	*Hoplobrotula armata*	–	10	10	24.8	134.3
Osmeriformes	Deep sae smelt	*Glossanodon semifasciatus*	10	–	10	14.4	21.9
Perciformes	Big head croaker	*Collichthys niveatus*	21	10	31	8.6	10.7
	Blackthroat seaperch	*Doederleinia berycoides*	–	10	10	10.1	14.8
	Blotched eelpout	*Zoarces gilli*	–	20	20	23.6	90.1
	Butterfish	*Psenopsis anomala*	–	10	10	19.5	133.6
	Chub mackerel	*Scomber japonicus*	10	–	10	15.7	31.6
	Glowbelly	*Acropoma japonicum*	20	20	40	7.2	5.4
	Indian perch	*Apogon lineatus*	10	–	10	6.8	4.6
	Japanese jack mackerel	*Trachurus japonicus*	89	50	139	19.6	58.3
	Korean pomfret	*Pampus echinogaster*	5	–	5	21.6	153.4
	Pacific sandeel	*Ammodytes personatus*	10	10	20	14.5	8.7
	Porqushead eelpout	*Bothrocara hollandi*	–	10	10	21.1	48.8
	Red barracuda	*Sphyraena pinguis*	37	20	57	26.1	111.6
	Red seabream	*Pagrus major*	20	–	20	15.5	110.8
	Japanese sandfish	*Arctoscopus japonicus*	25	10	35	15.0	29.1
	Silver croacker	*Pennahia argentata*	30	10	40	20.1	102.2
	Spotnape ponyfish	*Leiognathus nuchalis*	10	10	20	8.8	10.7
	Yellow croacker	*Larimichthys polyactis*	40	63	103	12.3	16.1
	Yellowback seabream	*Dentex tumifrons*	–	10	10	13.5	64.7
Pleuronectiformes	Blackfin flounder	*Glyptocephalus stelleri*	5	–	5	18.3	44.2
	Flathead flounder	*Hippoglossoides dubius*	–	10	10	19.7	69.1
	Sôhachi	*Cleisthenes pinetorum*	13	–	13	20.5	59.6
Scorpaeniformes	Korean rockfish	*Sebastes schlegelii*	8	–	8	22.4	168.2
	Longnose poacher	*Leptagonus leptorhynchus*	–	10	10	17.9	14.7
	Spiny red gurnard	*Chelidonichthys spinosus*	10	10	20	18.8	58.0
	Spiny flathead	*Hoplichthys gilberti*	–	10	10	18.4	56.9
	Spotted velvetfish	*Erisphex pottii*	20	10	30	11.1	12.9
	Spottybelly greenling	*Hexagrammos agrammus*	–	10	10	14.1	29.1
	Tanakas snailfish	*Liparis tanakai*	10	10	20	15.8	261.4
Teraodonitiformes	Black scraper	*Thamnaconus modestus*	10	–	10	24.3	210.0
Zeiformes	John dory	*Zeus faber*	20	–	20	21.5	143.5
Total	–	–	582	395	977	–	–
Crustacean							
Decapoda	Big head shrimp	*Solenocera melantho*	23	–	23	8.8	8.1
	Chinese ditch prawn	*Palaemon gravieri*	10	22	32	5.9	9.2
	Crangonid shrimp	*Crangon dalli*	10	–	10	5.4	2.3
	Decorator crab	*Oregonia gracilis*	–	10	10	16.3	114.1
	Hakodate sand shrimp	*Crangon Hakodatei*	–	38	38	6.7	26.5
	Izumi shrimp	*Plesionika izumiae*	–	10	10	5.6	14.8
	Red-banded lobster	*Metanephrops thomsoni*	11	50	61	10.3	122.8
	Sand crab	*Ovalipes punctatus*	7	–	7	5.9	35.9
	Shiba shrimp	*Metapenaeus joyneri*	3	–	3	10.7	5.7
	Snow crab	*Chionoecetes opilio*	10	–	10	4.8	33.2
	Southern roigh shrimp	*Trachysalambria curvirosteis*	18	20	38	9.2	27.9
	Spiny lebbeid shrimp	*Lebbeus groenlandicus*	15	–	15	10.7	5.7
	Sword-beak eualid shrimp	*Eualus spathulirostris*	10	10	20	3.4	2.6
	Two-spot swimming crab	*Charybdis bimaculata*	10	–	10	2.8	5.5
Total	–	–	127	160	287	–	–

Table 2. PCR primers used in this study

Disease		Primer	Sequence (5′ to 3′)	Expect size	Reference
VHS		VNF VNR	ATGGAAGGAGGAATTCGTGAAGCG GCGGTGAAGTGCTGCAGTTCCC′	505 bp	Snow *et al.* 2004
RSIVD		1F 1R	CTCAAACACTCTGGCTCATC GCACCAACACATCTCCTATC	570 bp	Kurita *et al.* 1998
		4F 4R	CGGGGGCAATGACGACTACA CCGCCTGTGCCTTTTCTGGA	568 bp	Kurita *et al.* 1998
MABVD		F R	GCACCACGAAGGTACGAAAT GTACGTTGCCGTTTCCTGAT	597 bp	Cho *et al.* 2006
HRVD		F R	ACCCTGGGATTCCTTGATTC TCTGGTGGGCACGATAAGTT	533 bp	Cho *et al.* 2006
LCD		LCDV F LCDV R	YTGGTTCAGTAAATTACCRG GTAATCCATACTTGHACRTC	609 bp	Kitamura *et al.* 2006
WSD	1st	146F1 146R1	ACTACTAACTTCAGCCTATCTAG TAATGCGGGTGTAATGTTCTTACGA	1447 bp	Lo *et al.* 1996a
	2nd	146F2 146R2	GTAACTGCCCCTTCCATCTCCA TACGGCAGCTGCTGCACCTTGT	941 bp	Lo *et al.* 1996b
IHHN		389F 389R	CGGAACACAACCCGACTTTA GGCCAAGACCAAAATACGAA	389 bp	Tang *et al.* 2000
		77012F 77353R	ATCGGTGCACTACTCGGA TCGTACTGGCTGTTCATC	356 bp	Nunan *et al.* 2000
		392F 392R	GGGCGAACCAGAATCACTTA ATCCGGAGGAATCTGATGTG	392 bp	Tang *et al.* 2000, 2007
		309F 309R	TCCAACACTTAGTCAAAACCAA TGTCTGCTACGATGATTATCCA	309 bp	Tang *et al.* 2007
		MG831F MG931R	TTGGGGATGCAGCAATATCT GTCCATCCACTGATCGGACT	831 bp	Tang *et al.* 2007
TS		9992F 9195R	AAGTAGACAGCCGCGCTT TCAATGAGAGCTTGGTCC	231 bp	Mari *et al.* 2002
		7171F 7511R	CGACAGTTGGACATCTAGTG GAGCTTCAGACTGCAACTTC	341 bp	Navarro *et al.* 2009
IMN		4587F 4914R	CGACGCTGCTAACCATACAA ACTCGGCTGTTCGATCAAGT	328 bp	Poulos and Lightner 2006
		4725F 4863R	GGCACATGCTCAGAGACA AGCGCTGAGTCCAGTCTTG	139 bp	Poulos and Lightner 2006
YHD		10F 144R	CCGCTAATTTCAAAAACTACG AAGGTGTTATGTCGAGGAAGT	135 bp	Mohr *et al.* 2015
	1st	GY1 (F) GY4 (R)	GACATCACTCCAGACAACATCTG GTGAAGTCCATGTGTGTGAGACG	794 bp	Mohr *et al.* 2015
	2nd	GY2 (F) Y3 (R) G6 (R)	CATCTGTCCAGAAGGCGTCTATGA ACGCTCTGTGACAAGCATGAAGTT GTAGTAGAGACGAGTGACACCTAT	277 bp or 406 bp	Mohr *et al.* 2015
	1st	YC-F1ab pool YC-R1ab pool	ATCGTCGTCAGCTACCGCAATACTGC ATCGTCGTCAGYTAYCGTAACACCGC TCTTCRCGTGTGAACACYTTCTTRGC TCTGCGTGGGTGAACACCTTCTTGGC	358 bp	Mohr *et al.* 2015
	2nd	YC-F2ab pool YC-R2ab pool	CGCTTCCAATGTATCTGYATGCACCA CGCTTYCARTGTATCTGCATGCACCA RTCDGTGTACATGTTTGAGAGTTTGTT GTCAGTGTACATATTGGAGAGTTTRTT	146 bp	Mohr *et al.* 2015

 ©2019. Korean Society of Environmental Biology.

Table 2. Continued

Disease	Primer		Sequence (5′ to 3′)	Expect size	Reference
WTD	MrNV	F R	GCGTTATAGATGGCACAAGG AGCTGTGAAACTTCCACTGG	425 bp	Sri Widada *et al.* 2003
		Iinternal F Iinternal R	GATGACCCCAACGTTATCCT GTGTAGTCACTTGCAAGAGG	546 bp	Sudhakaran *et al.* 2007a
	XSV	F R	CGCGGATCCGATGAATAAGCGCATTAATAA CCGGAATTCCGTTACTGTTCGGAGTCCCAA	205 bp	Sri Widada *et al.* 2003
		Iinternal F Iinternal R	ACATTGGCGGTTGGGTCATA GTGCCTGTTGCTGAAATACC	236 bp	Sudhakaran *et al.* 2007a
	MrNVF MrNVR XSVF XSVR		GATACAGATCCACTAGATGACC GACGATAGCTCTGATAATCC GGAGAACCATGAGATCACG CTGCTCATTACTGTTCGGAGTC	681 bp 500 bp	Yoganandhan *et al.* 2005

VHS: viral hemorrhagic septicemia, RSIVD: Red Sea bream iridoviral disease, MABVD: marine birnavirus disease, HRVD: hiramerhabdovirus disease, LCD: lymphocystis disease, WSD: white spot disease, IHHN: infectious hypodermal and hematopoietic necrosis, TS: Taura syndrome, IMN: infectious myonecrosis, YHD: yellowhead disease, WTD: white tail disease

Table 3. Rate of disease detection in fish and crustacea by PCR.

Disease	VHS	RSIVD	MABVD	HRVD	LCD	WSD	IHHN	TS	IMN	YHD	WTD
Fish	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Crustacean	ND	ND	ND	ND	ND	0	0	0	0	0	0

VHS: viral hemorrhagic septicemia, RSIVD: Red Sea bream iridoviral disease, MABVD: marine birnavirus disease, HRVD: hiramerhabdovirus disease, LCD: lymphocystis disease, WSD: white spot disease, IHHN: infectious hypodermal and hematopoietic necrosis, TS: Taura syndrome, IMN: infectious myonecrosis, YHD: yellowhead disease, WTD: white tail disease. ND: Not determined

내에서 VHSV가 검출된 자연수계 수산생물은 제주 남부 해역의 2003년 갈치(*Trichiiurs japonicus*) 및 2005년 황돔(*Dentex tumifrons*), 서부해역의 2005년 복어(*Pampus argenteus*) 및 기름가자미(*Glyptocephalus stelleri*)가 보고되었으며 양식 넙치 유래의 genotype 4a에 속하였다(Kim *et al.* 2011). 하지만 본 연구에서 채취된 자연수계 수산생물에서는 VHSV가 검출되지 않았다(Table 3).

RSIVD는 일본 시코쿠 지역 양식 참돔에서 최초 발생하여 현재 일본, 동아시아, 동남아시아 등의 국가에서 광범위한 숙주에 비장비대 등의 특징을 보이며 수온 25°C 이상일 때 많은 폐사를 유발한다. 국내에서는 1998년 이후 해산 양식 어류인 돌돔(*Oplegnathus fasciatus*), 조피볼락(*Sebastes schlegelii*), 참돔(*Pagrus major*), 넙치뿐만 아니라 담수산 양식 쏘가리(*Siniperca scherzeri*)에도 감염되어 많은 피해를 유발하였다(Jeong *et al.* 2003, 2006; Won *et al.* 2013; Jin *et al.* 2018; Kim *et al.* 2018). 국내 자연수계의 아귀(*Lophiomus setigerus*), 도다리(*Pleuronichthys cornuts*), 눈볼대(*Doederleinia berycoides*), 황돔 등 다양한 품종에서 검출되었으며 양식어류에서 분리된 RSIV 염기서열과 97.2~100%의 높은 유전학적 상동성이 나타났지만(Lee *et al.* 2007) 본 연구에서는 RSIV는 검출되지 않았다(Table 3).

본 연구에서는 비법정전염병인 MABVD, HRVD, LCD에 대해서도 모니터링을 실시하였지만 검출되지 않았다(Table 3). 하지만 양식 품종에서 2005, 2006, 2007, 2010년 해당 질병이 일부 검출되고(Kim *et al.* 2006, 2010; Cho *et al.* 2008; Park *et al.* 2012) 자연수계 수산생물에서도 LCDV(2007년), MABV(2010년 참돔)가 검출되었다. 비록 검출율은 낮지만 지속적인 모니터링으로 질병 발생 상황을 감시할 필요가 있겠다.

2) 갑갑류 전염병 모니터링

갑각류는 법정전염병 6종에 대하여 병원체 보유 유무를 검사하였지만 모두 불검출되었다(Table 3). WSD는 중국, 일본, 한국을 포함한 아시아, 인도대륙, 지중해, 중동, 미국 등에서 발생 보고가 있으며 갑각류 질병 중 가장 많은 감수성 품종을 지니고 있는 전염병 중 하나이다. 해수, 기수, 담수의 모든 십각목에 감염을 유발하고 자연산 십각류, 십각류 외 갑각류, 그리고 해산 패류, 다모류, 절지동물이

carrier로 작용한다. 외골격에 흰반점을 나타내며 병원성 및 전파 능력이 높다. 국내에서는 2003년 대하(*Fenneropenaeus chinensis*) 양식장에서 최초 발생 후 전국적으로 확산되었다. 공식 및 사육수로 인한 수평감염으로 전파가 가능하다. 양식장 주변에 서식하는 게 유생(crab larvae), 요각류(copepodid), 말뚝망둥어(*Periophthalmus modestus*), 바위게(*Pachygrapsus crassipes*), 방게(*Helice tridens*), 곤쟁이류(*Neomysis* sp.)에서 검출된 바 있다(Kim *et al.* 2009). 특히 국내에서는 새우를 외부환경에 노출된 방법으로 주로 양식하고 있어 새우 양식장에서 서식하는 생물이 WSD에 감염되어 타 양식장 및 자연수계로 이동 후 WSD를 전파할 가능성이 있다. 이에 따른 양식장 침입 경로 차단을 통한 전파 및 확산 방지를 위하여 자연수계의 갑각류뿐만 아니라 양식장 주변 서식생물에 대한 지속적인 모니터링 연구 및 정책이 필요하겠다.

IHHN, TS, IMN은 과거 국내에서 발생한 전염병이지만 현재까지 추가 발생 보고는 없다. IHHN는 최초 하와이의 청새우(*Penaeus stylirostris*)에서 발견되었으나, 그 후 흰다리새우 등에도 감염하는 것이 알려져, 현재에는 미국, 중미, 남미뿐만이 아니라 싱가폴, 필리핀, 태국, 말레시아 및 인도네시아에서도 발생했다. 외골격 내부 상피에 백점을 형성하여 전체적으로 푸르게 변하는 특성을 가지고 있다. 국내에서 2005년 최초 검출이 된 후 2006년과 2010년에 추가적으로 검출되었다(Kim *et al.* 2006; Kim *et al.* 2011). 2010년 검출된 IHHN는 충남 태안 흰다리새우 양식장에서 분리되었으며 미국 및 동남아에서 분리되는 바이러스와 동일한 유전형을 지니고 있었다(Kim *et al.* 2011). TS는 1992년에 에쿠아도르의 타우라강 하구부근의 흰다리새우 양식장에서 발생하여 많은 피해를 유발하였다. 미국, 동남아시아, 중동에 널리 분포되어 있으며 흰반점병과 함께 고병원성을 지니고 있으며 체색은 약간 붉은 빛을 띠게 되고, 특히 미절 및 유영각은 현저히 붉게 되어 붉은꼬리병이라고도 불린다. 국내에서는 2004년 천수만 흰다리새우 양식장에서 최초 발생하였다(Do *et al.* 2006). IMN은 브라질 남동부의 흰다리새우 양식장에서 최초 발생하였으며 인도네시아에서는 2006년 브라질로부터 수입한 종묘를 이식하여 전파되었다. 꼬리지느러미 부근 횡문근에 광범위한 괴사가 나타나며 국내에서는 2015년 충남에서 최초 발생한 바 있어 종합적인 역학조사를 실시한 결과 양식장 주변 서식생물에서도 IMNV가 일부 검출되었다(Kwon *et al.* 2019). 그 이후 IHHNV, TSV와 함께 양식장에 대하여 모니터링을 실시하고 있으며 자연수계에 대해서도 모니터링 강화하여 상시 감시 체계를 유지하고 있다. TS 및 IMN은 조류 분변을 통해 전파가 가능하기 때문에 자연수계뿐만 아니라 양식장 주변 조류에 대한 관리 방안도 필요하겠다.

현재까지 YHD 및 WTD는 국내에서 발생된 보고가 없으며 본 연구 결과에서도 자연수계 수산생물에서 해당 질병이 검출되지 않았다. 수산생물전염병 청정지위(청정국, 청정지역) 인정 기준은 크게 3가지로 감수성 품종이 없는 경우, 역사적으로 발생보고가 없는 경우, 과거 10년 이내에 발생이 있었거나 질병 발생 상황을 모르는 경우이다. 역사적으로 발생보고가 없는 경우 및 과거 10년 이내에 발생이 있었거나 질병 발생 상황을 모르는 경우에는 자연수계 수산생물(야생동물집단)에서 질병이 확인되지 않아야 한다. 국내 연근해에서 수산생물을 채취하여 법정전염병 및 비법정전염병의 보유 유무를 조사한 결과, 비록 모든 시료에서 전염병이 검출되지 않았지만 수산생물전염병 청정국 또는 청정지역 지위의 국제 인정에 매우 귀중한 정보를 제공하여 국내 수산방역 체계의 국제 위상을 제고할 것이다.

적 요

자연수계 수산생물의 전염병 모니터링은 자연수계 및 양식 수산생물의 질병 관련성 및 상관관계 구명은 질병 발생 예방 및 확산 방지에 매우 중요한 역할을 한다. 2018년 해구 64개소에서 어류 39종 977마리 및 갑각류 14종 287마리를 선정하여 총 1,264마리에 대하여 병원체 감염 여부를 조사하였다. 어류는 법정전염병 2종(VHS, RSIVD) 및 비법정전염병 3종(MABVD, HRVD, LCD)을 분석하고 갑각류는 법정전염병 6종(WSD, IHHN, TS, IMN, YHD, WTD)을 분석하였다. 조사한 모든 시료에서 전염병이 검출되지 않았지만, 우리나라에서 조사한 자연수계 수산생물이 무병하여 청정국 또는 청정지위 선언에 중요한 정보를 제공할 것이다.

사 사

이 논문은 2019년도 국립수산과학원 수산생물방역체계 구축 사업(R2019058)의 지원으로 수행된 연구입니다.

 ©2019. Korean Society of Environmental Biology.

REFERENCES

Baumgartner WA, JP Hawke, K Bowles, PW Varner and KW Hasson. 2009. Primary diagnosis and surveillance of white spot syndrome virus in wild and farmed crawfish (*Procambarus clarkii, P. zonangulus*) in Louisiana, USA. Dis. Aquat. Org. 85: 15–22.

Cho MY, HY Kim, BY Jee, MS Kim, JS Seo, MG Kwon, YS Im, DC Lee, YK Oh, SH Park, JW Kim and MA Park. 2008. Disease in wild marine fish caught from Korea coastal offshore water. J. Fish Pathol. 21:259–270.

Cho MY, BY Jee, GH Park, CH Lee, DC Lee, JW Kim, MS Park and MA Park. 2009. Monitoring of fish pathogens in wild marine fish of Korean costal offshore water in 2008. J. Fish Pathol. 22:75–83.

Do JW, SJ Cha, NS Lee, YC Kim, JW Kim, JD Kim and JW Park. 2006. Taura syndrome virus from *Penaeus vannamei* shrimp cultured in Korea. Dis. Aquat. Org. 70:171–174.

Jeong JB, LJ Jun, KH Park, KH Kim, JK Chung, JL Komisar and HD Jeong. 2006. Asymptomatic iridovirus infection in various marine fishes detected by a 2-step PCR method. Aquaculture 255:30–38.

Jeong JB, LJ Jun, MH Yoo, MS Kim, JL Komisar and HD Jeong. 2003. Characterization of the DNA nucleotide sequences in the genome of red sea bream iridoviruses isolated in Korea. Aquaculture 220:119–133.

Jin JW, YK Kim, S Hong, YC Kim, WJ Kwon and HD Jeong. 2018. Identification and characterization of Megalocytivirus type 3 infection with low mortality in starry flounder, *Platichthys stellatus*, in Korea. J. World Aquacult. Soc. 49:229–239.

Kim JH, CH Chroresca Jr, SP Shin, JE Han, JW Jun, SY Han and SC Park. 2011. Detection of infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHHNV) in *Litopenaeus vannamei* shrimp cultured in South Korea. Aquaculture 313:161–164.

Kim JW, MY Cho, GH Park, KM Won, HS Choi, MS Kim and MA Park. 2010. Statistical data on infectious disease of cultured olive flounder *Paralichthys olivaceus* from 2005 to 2007. J. Fish Pathol. 23:369–377.

Kim JW, SH Jung, MA Park, JW Do, DL Choi, BY Jee, MY Cho, MS Kim, HS Choi, YC Kim, JS Lee, CH Lee, JD Bang, MS Park and JS Seo. 2006. Monitoring of pathogen in cultured fish of Korea for the summer period from 2000 to 2006. J. Fish Pathol. 19:207–214.

Kim KI, SD Hwang, MY Cho, SH Jung, YC Kim and HD Jeong. 2018. A natural infection by the red sea bream iridovirus type Megalocytivirus in the golden mandarin fish *Siniperca scherzeri*. J. Fish Dis. 41:1229–1233.

Kim KS, SY Park, IR Lee, YK Nam and IC Bang. 2009. Prevalence of white spot syndrome virus (WSSV) in marine organisms around the shrimp farm and polychaete worm-mediated transmission of WSSV to *Fenneropenaeus chinensis*. J. Fish Pathol. 22:15–21.

Kim SM, JI Lee, MJ Hong, HS Park and SI Park. 2003. Genetic relationship of the VHSV (viral hemorrhagic septicemia virus) isolated from cultured olive flounder, *Paralichthys olivaceus* in Korea. J. Fish Pathol. 16:1–12.

Kim WS, SJ Jung, JO Kim, DW Kim, JH Kim and MJ Oh. 2011. Genetic positioning of Korean viral hemorrhagic septicemia virus (VHSV) from cultured and wild marine fishes. J. Fish Pathol. 24:1–9.

Kim WS, SR Kim, D Kim, JO Kim, MA Park, SI Kitamura, HY Kim, DH Kim, HJ Han, SJ Jung and MJ Oh. 2009. An outbreak of VHSV (viral hemorrhagic septicemia virus) infection in farmed olive flounder *Paralichthys olivaceus* in Korea. Aquaculture 296:165–168.

Kitamura SI, SJ Jung and MJ Oh. 2006. Differentiation of lymphocystis disease virus genotype by multiplex PCR. J. Microbiol. 44:248–253.

Kurita J, K Nakajima, I Hirono and T Aoki. 1998. Polymerase chain reaction (PCR) amplification of DNA of red sea bream iridovirus (RSIV). Fish Pathol. 33:17–23.

Kwon MG, SM Kim, KW Shin, MY Cho, SD Hwang, JS Seo, JY Hwang and BY Jee. 2019. Epidemiological survey of infectious Myonecrosis in farmed white leg shrimps (*Litopenaeus vannamei*) in Korea. J. Kor. Soc. Fish. Mar. Edu. 31:94–99.

Lee DC, MY Cho, SJ Cha, SH Park, MA Park and JW Kim. 2006. Monitoring of disease in wild marine stocks collected in June 2006 by trawl in southern Korean water. J. Fish Pathol. 19: 215–225.

Lee WL, SR Kim, HM Yun, SI Kitamura, SJ Jung and MJ Oh. 2007. Detection of red sea bream iridovirus (RSIV) from marin fish in the southern costal area and east China sea. J. Fish Pathol. 20:211–220.

Lo CF, JH Leu, CH Chen, SE Peng, YT Chen, CM Chou, PY Yeh, CJ Huang, HY Chou, CH Wang and GH Kou. 1996a. Detection of baculovirus associated with white spot syndrome (WSBV) in penaeid shrimps using polymerase chain reaction. Dis. Aquat. Org. 25:133–141.

Lo CF, CH Ho, SE Peng, CH Chen, HC Hsu, YL Chiu, CF Chang, KF Liu, MS Su, CH Wang and GH Kou. 1996b. White spot syndrome baculovirus (WSBV) detected in cultured and captured shrimp, crab and other arthropods. Dis. Aquat. Org. 27: 215–225.

Mari J, BT Poulos, DV Lightner and JR Bonami. 2002. Shrimp Taura syndrome virus: genomic characterization and similarity with members of the genus Cricket paralysis-like viruses. J. Gen. Virol. 83:915–926.

Mohr PG, NJG Moody, J Hoad, LM Williams, RO Bowater, DM

Cummins, JA Cowley and MSTJ Crane. 2015. New yellow head virus genotype (YHV7) in giant tiger shrimp *Penaeus monodon* indigenous to northern Australia. Dis. Aquat. Org. 115:263–268.

Mun SH, JW Hur, SJ Cha, SD Hwang, MH Son, JY Kwon and SR Kwon. 2018. Monitoring pathogen infection of freshwater cyprinid fish and crustacean in Soyang Lake in 2016. Korean J. fish. Aquat. Sci. 51:47–53.

Navarro SA, KFJ Tang and DV Lightner. 2009. An improved Taura syndrome virus (TSV) RT-PCR using newly designed primers. Aquaculture 293:290–292.

Nunan LM, BT Poulos and DV Lightner. 2000. Use of polymerase chain reaction (PCR) for the detection of infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHHNV) in penaeid shrimp. Mar. Biotechnol. 2:319–328.

OIE. 2017. Disease information. Weekly Disease Information. World Organisation for Animal Health, Paris, France. https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/WI/index/newlang/en.

Park MA, JW Do, MS Kim, SR Kim, MG Kwon, JS Seo, JY Song and HS Choi. 2012. Comparison of pathogen detection from wild and cultured olive flounder, red sea bream, black sea bream and black rockfish in the costal area of Korea in 2010. J. Fish Pathol. 25:263–270.

Poulos BT and DV Lightner. 2006. Detection of infectious myonecrosis virus (IMNV) of penaeid shrimp by reverse-transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR). Dis. Aquat. Org. 73: 69–72.

Skall HF, NJ Olesen and S Mellergaard. 2005. Viral haemorrhagic septicaemia virus in marine fish and its implications for fish farming - a review. J. Fish Dis. 28:509–529.

Snow M, N Bain, J Black, V Taupin, CO Cunningham, JA King, HF Skall and RS Raynard. 2004. Genetic population structure of marine viral haemorrhagic septicaemia virus (VHSV). Dis. Aquat. Org. 61:11–21.

Sri Widada J, S Durand, D Cambournac Qian, Z Shi, E Dejonghe, V Richard and JR Bonami. 2003. Genome-based detection methods of *Macrobrachium rosenbergii* nodavirus, a pathogen of the giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*: dot-blot, in situ hybridization and RT-PCR. J. Fish Dis. 26: 583–590.

Stone DM, K Way and PF Dixon. 1997. Nucleotide sequence of the glycoprotein gene of viral haemorrhagic septicaemia (VHS) viruses from different geographic areas: a link between VHS in farmed fish species and viruses isolated from North Sea cod (*Gadus morhua* L.). J. Gen. Virol. 78:1319–1326.

Sudhakaran R, VP Ishaq Ahemed, P Haribabu, SC Mukherjee, J Sri Widada, JR Bonami and AS Sahul Hameed. 2007a. Experimental vertical transmission of *Macrobrachium rosenbergii* nodavirus (MrNV) and extra small virus (XSV) from brooders to progeny in *Macrobrachium rosenbergii* and Artemia. J. Fish Dis. 30:27–35.

Tang KFJ, SV Durand, BL White, RM Redman, CR Pantoja and DV Lightner. 2000. Postlarvae and juveniles of a selected line of *Penaeus stylirostris* are resistant to infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus infection. Aquaculture 190:203–210.

Tang KFJ, SA Navarro and DV Lightner. 2007. A PCR assay for discriminating between infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus (IHHNV) and the virus-related sequences in the genome of *Penaeus monodon*. Dis. Aquat. Org. 74:165–170.

Won KM, MY Cho, MA Park, BY Jee, JI Myeong and JW Kim. 2013. The first report of a megalocytivirus infection in farmed starry flounder, *Platichthys stellatus*, in Korea. Fish Aquat. Sci. 16:93–99.

Yoganandhan K, J Sri Widada, JR Bonami and AS Sahul Hameed. 2005. Simultaneous detection of *Macrobrachium rosenbergii* nodavirus and extra small virus by a single tube, one-step multiplex RT-PCR assay. J. Fish Dis. 28:1–5.

 ©2019. Korean Society of Environmental Biology.