



# 신·변종 바이러스의 출현에 대한 생태학적 인자의 영향

경희대학교 이과대학 생물학과 분자바이러스학연구실  
 정용석 [ysjeong@khu.ac.kr](mailto:ysjeong@khu.ac.kr)

## ▶ 신·변종 바이러스들의 출현 동향

새로운 세기의 출발 벽두부터 전 지구촌을 감염의 공포로 떨게 만든 사스(SARS) 코로나 바이러스가 잠시 주춤하는 사이 감염숙주의 종간 장벽(species barrier)을 뛰어 넘는 조류 인플루엔자(avian influenza) 바이러스의 출현으로 말미암아 인류는 다시금 긴장하고 있다. 일반적으로 신종(emerging) 및 재출현(resurgent) 질환이란 한 개체군 내에 새롭게 출현한 질환이나 혹은 과거부터 존재해왔지만 최근 들어 그 발생률이나 지리적 확산이 급격히 확대되고 있는 질환을 말하며 이러한 질환을 일으키는 병원체로는 말라리아와 같은 원생 생물부터 약제 내성 결핵균 등의 박테리아, 그리고 후천성면역결핍증(AIDS) 바이러스를 포함한 다양한 바이러스들이 포함된다. 특히, 사람인플루엔자(human influenza) 바이러스, 한탄바이러스 신증후군(HRFS) 및 폐증후군(HPS) 바이러스, HIV, 니파(Nipha) 바이러스, 웨스트나일(West Nile) 바이러스, 그리고 가장 최근의 중증급성호흡기감염증 코로나 바이러스(SARS-CoV) 및 조류 인플루엔자

바이러스 등 불과 지난 20년 사이에 대두된 최소한 40여 종의 신종 및 재출현성 바이러스와 그로 인한 감염성 질환의 위협은 인류 문명이 시작된 이래 그 어느 때보다도 심각한 상태에 직면하고 있다.

이러한 바이러스 질환들 중 90% 이상은 야생 동물 및 가축 등의 보균숙주(reservoir host)나 매개숙주(vector host)를 경유하여 인간에게 전파되는 인수공통 전염 및 감염(zoonosis) 특성을 갖는다. 특히 일본뇌염

표 1. 지난 30년 사이에 출현한 일부 신·변종바이러스들과 감염현황

Virus	Year	Location	Death(Cases)	Fatality
Ebola Virus	1976	Sudan, Zaire	397	80%
	1995	Zaire	244	
	2003	Gabon	>100	
Sin Nombre Virus	1993	USA	>200(336)	60%
Nipah Virus	1998	Malaysia	>150	
	2003	Bangladesh	>20	
West Nile Virus	1999	USA	>782(>19,655)	3~15%
SARA-Co Virus	2002	>30 Countries	>800(8,300)	5~10%
Avian Influenza	1997	Hong Kong		
	2003~2006		113(205)	55%

(Japanese encephalitis) 바이러스, 웨스트나일 바이러스, 뎅기열(dengue fever) 바이러스, 황열(yellow fever) 바이러스 및 TBE (tick-borne encephalitis) 바이러스 등 모기와 진드기에 의해 전파되는 플라비바이러스(flavivirus) 그룹은 신·변종 바이러스 중 가장 중요한 종류로서 새로운 지리적 확산의 대표적인 사례로 보고되어 있다. 뎅기열 바이러스의 경우 매년 5천만 명의 감염환자를 낳고 있으며 2002년 유럽과 북미의 온대 기후권에 출현한 웨스트나일 바이러스는 미국에서만 4100명 이상의 감염자와 수백-수천에 이르는 인명과 동물의 사망을 초래했다.

일본뇌염 환자는 2001년 한 해만도 5만 건 이상을 기록했으며 백신제어가 잘 되어 있다고 믿었던 황열의 경우에도 매년 20만 건 이상의 사례와 5만 명 이상의 사망자를 양산하고 있다.

바이러스성 신종 및 재출현 감염질환이 나타나는 메커니즘으로는 첫째, 인플루엔자와 같이 기존의 바이러스가 돌연변이를 거쳐 새로운 감염특성을 획득하게 되는 경우와 둘째, SARS-CoV처럼 현존하는 바이러스가 기존의 숙주로부터 새로운 숙주로 숙주범위를 넓혀 전파되는 경우, 그리고 마지막으로는 에이즈 바이러스와 같이 격리된 숙주집단에서만 제한적으로 감염을 일으켰던 바이러스가 이전에 이 바이러스를 접해본 적이 없어 면역력이 전혀 없는 광범위한 집단에 노출되는 경우를 들 수 있다. 이와 같은 현상의 배경에는 자연적 생태 인자들의 변화에 따른 요인과 사회적 생태 인자들의 변화 요인들이 개별적으로 또는 조합적으로 작용하는 지극히 복잡한 생물학적, 사회학적 메커니즘들이 깔려 있는 것으로 생각된다.

**▶ 생태학적 영향 요인의 변화 추이**

18세기 산업혁명 이후로 가파른 상승곡선을 그리고 있는 전 지구적 기온 상승의 영향으로 식생과 동물 생태계의 급격한 변화가 뒤따르고 이로 인한 신종 및 재출현 질환의 발생빈도가 현저히 높아질 것으로 예상된다. 따라서 온대

바이러스성 신종 및 재출현 감염질환이 나타나는 메커니즘으로는 첫째, 인플루엔자와 같이 기존의 바이러스가 돌연변이를 거쳐 새로운 감염특성을 획득하게 되는 경우와 둘째, SARS-CoV처럼 현존하는 바이러스가 기존의 숙주로부터 새로운 숙주로 숙주범위를 넓혀 전파되는 경우, 그리고 마지막으로는 에이즈 바이러스와 같이 격리된 숙주집단에서만 제한적으로 감염을 일으켰던 바이러스가 이전에 이 바이러스를 접해본 적이 없어 면역력이 전혀 없는 광범위한 집단에 노출되는 경우를 들 수 있다.

기후권역에서 아열대성 기후권역으로의 점진적 전환을 직접 체험하고 있는 한반도와 동아시아 일대는 이러한 바이러스들에 기인한 신종 및 재출현 질환의 절대적인 영향권 안에 놓여 있다.

일반적으로 신종 및 재출현 질환은 조류나 포유동물 등의 보균숙주가 존재하는 인수공통 바이러스 질환(viral zoonosis)인 경우가 많으며 이러한 현상에 직·간접적으로 영향을 미치는 인자는 셀 수 없이 많지만 과학적 규명과 제어가 가능한 범위에서는 환경생태학적 인자와 유전학적 인자로 함축된다. 이 두 인자는 각기 독립적으로도 작용하지만 서로 긴밀하게 연결되어 있으며 신·변종 바이러스 생성에 미치는 환경생태학적 인자의 영향력은 움직일 수 없는 진화유전학적 변화를 유도한다. 다시 말해서 환경생태학적 변화의 모체는 기후 변화이며 이는 곧 식상의 식생과 직결된다.

기후 변화에 따른 식생의 변화는 다시 곤충을 포함한 동물생태의 변화로 이어지며 이 같은 보균숙주 및 매개숙주의 생태학적 변화는 진화유전학적 변화로 귀결된다. 즉, 보균 및 매개숙주들과 오랫동안 함께 지내온(co-speciation) 바이러스들의 적응도(fitness degree) 변화를 낳고 이는 다시 바이러스 병원성(virulence) 변화를 잠재한다.

자연적 또는 인위적 원인으로 인한 기후의 변화는 우리의 일상에서 지역적인 날씨 변화로 나타나며 기온, 강수량, 습도의 세 가지 인자를 중심으로 변화의 폭을 설명할 수 있다. IPCC

(Intergovernmental Panel on Climate Change)에 따르면 20세기 동안 지구의 평균 기온은 15°C로 100여 년 전보다 0.6°C 상승하였고, 이러한 추세가 계속되면 21세기 말에는 1.4°C에서 5.8°C까지 상승할 것으로 예측하고 있다. 특히 지난 백년간 우리나라의 기온상승률은 1.5°C로 세계 평균치의 3배에 이른다.

미국 해양대기국의 자료에 따르면 1985~2001년 사이 동해의 수온은 연평균 0.087°C 씩 상승하여 17년 동안 1.5°C가 증가하였으며 이는 같은 기간 전 세계 해수온도 증가폭의 6배를 넘는 것으로 밝혀졌다.

매개동물에 의한 질병은 모기, 진드기, 벼룩 등 곤충이나 쥐 등 설치류가 매개체가 되어 병원체가 인간에게 전파되는 질병이다. 매개동물을 통한 질병은 생태계 내에서 숙주와 매개동물, 병원체 간의 상호작용에 의한 동역학적 균형을 이루는데 일정한 완충 폭을 넘어선 기후의 변화는 궁극적으로 절지동물의 생태를 재구성하는 것으로 알려졌다. 예를 들어 모기와 같은 병원체 매개 곤충에 대한 기온변화의 영향으로는 매개동물의 생존율, 일부 병원체에 대한 매개숙주의 감염 감수성, 개체군 성장률, 그리고 숙주와 만나 흡혈하는 빈도 등이 달라진다는 점을 들 수 있다. 한편 병원체에 대한 기온변화의 영향으로는 병원체가 주로 전파되는 계절이나 병원체의 지역적 분포가 변화하게 된다는 점이다. 강수량의 변화 역시 모기 유충의 서식처, 개체군의 크기에 깊이 관여하며

습도가 높아지면 매개곤충의 생존율이 급격히 증가한다는 것이 보고되어 있다. 실제로 우리나라에서는 지난 20여 년간 발생되지 않았던 말라리아가 1993년에 다시 서부 휴전선 부근에서 발생하기 시작하여 환자수가 1997년에는 1,600명 이상, 2000년 4,142명, 2004년 864명에 이르렀다. 또한 일본뇌염은 1984년 이후 근절된 것으로 알려졌으나 1994년 이후 최근 10년간 소수이나마 거의 매년 환자가 발생하였다. 특히 쯔쯔가무시증(scrub typhus)의 환자 수는 1994년 238명에서 1998년 1,140명, 2001년 2,638명, 2003년 1,415명, 2004년 4,600명으로 꾸준한 증가와 함께 최근 폭증현상을 보인다.

한편, 토지의 이용 형태, 댐 건설로 인한 수중 생태계의 변화, 산림벌채, 농사방식, 매개 곤충의 관리 등과 같은 인위적 요인들도 급격한

생태변화를 유발기도 하지만 AIDS, SARS, 그리고 조류 인플루엔자의 원인 바이러스의 출현과 확산은 환경생태학적 변화보다는 사회생태학적 변화 요인이 보다 큰 비중을 차지한다고 볼 수 있다. 19세기 이후로 빠르게 진행되어 온 산업화와 도시화는 인구의 급속한 증가와 밀집을 초래하였으며 이에 따른 사람들의 성 행동, 식습관, 가축의 사육방식 등 다양한 범주에서의 행동양식의 변화는 기존에 격리되어 있었던 바이러스들이 사람들의 생활반경으로 침투하는 경로로 작용하였다.

또한 장거리 여행 기술의 발달과 더불어 하루 평균 수백만 명의 사람들이 세계 각지로 이동하며 농수산물과 축산물을 포함한 엄청난 물량의 물품들이 거미줄처럼 짜인 범국가적 무역망을 통해 거래됨으로써 전염성 병원체에 있어서는 더 이상의 지역적 격리를 찾아보기

어렵게 되었다.

▶ 증식환경의 선택압력과 바이러스의 진화

세포와 달리 다양한 소기관도 분화되어 있지 못하고 에너지의 전환이나 성장 등 몇 가지 점에서 생명체로서의 자격 조건에 대한 논란이 없지 않지만 바이러스 역시 유전물질을 가지고 있어 개체의 증식과 유전, 그리고 진화 등의 핵심적 생명현상을 나타내는 비세포성 생명체이다. 따라서 숙주의 외부인 자연환경과 숙주 내부의 미세 환경에 모두 걸쳐있는 다양한 환경인자들의 변화에 따라 바이러스 역시 끊임없는 선택압력(selection pressure)을 받을 수밖에 없으며 그에 따른 적응과 진화 현상이 관찰되는 것은 오히려 자연스럽다.

오늘날 바이러스 유전체 복제 또는 분자 생물학적 수준의 증식 전략을 기준으로 나눈

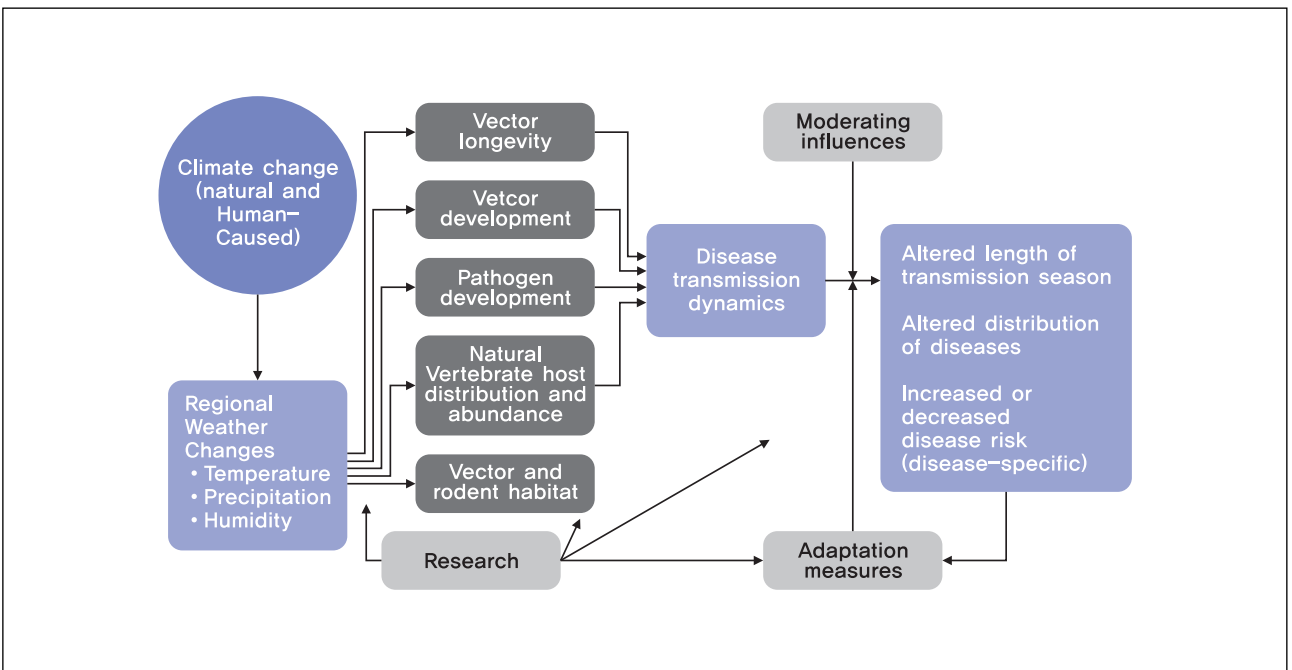


그림 1. 신종 및 재출현 질환에 대한 환경생태학적 영향인자들의 작용흐름도. (Adapted from Gubler et al. 2001, *Environ Health Perspect.* 109:223-233)

볼티모어의 분류법(Baltimore classification)에 따르면 바이러스는 크게 7가지 그룹으로 나뉘지만 유전체의 화학적 조성만을 기준으로 하면 RNA 바이러스와 DNA 바이러스로 나눌 수 있다. 숙주에 침투하여 생물학적 미세 환경에서 에너지와 유기물을 얻어 개체의 증식에 활용해야만 하는 바이러스의 생존 특성상 신·변종 바이러스의 출현은 숙주와 함께하는 상호작용에 밀접하게 연관된다.

특히 숙주에 따라 고유한 증식환경이 설정되는 조건에서 기존과는 다른 새로운 숙주에 침투하고 또 증식할 수 있으려면 바이러스 자신의 유전적 다양성이 극대화될 때 가장 유리한 위치를 확보할 것이며 이 점에서 교정 능력이 결핍된 RNA 중합효소를 사용해야 하는 RNA 바이러스는 복제 충실도(fidelity)가 훨씬 높은 DNA 바이러스에 비해 월등히 높은 숙주 범위(host range)의 확장 가능성을 지닌다.

일반적으로 DNA 바이러스는 상대적으로 제한적인 숙주범위를 가지고 있으며 종종 장기간의 지속감염(persistent infection)을 통해 숙주와의 “co-speciation”을 이루어 가는 성향이 있다. 이와 달리 RNA 바이러스는 개체군 내의 중심 그룹(master sequence-containing viruses) 이외에도 매우 높은 유전자 변이를 통해 생성되는 다양한 소그룹(subgroup)들이 공존하며 이들은 돌연변이 역치(error threshold)에 근접한 상태로 생성과 소멸을 반복함으로써 전체적으로는 유사종(quasi-species)의 특성을 갖는 개체군을 형성한다. 결국 이와 같은 유사종 개체군 내의 소그룹중 하나 또는 그 이상이 숙주 또는 매개 동물 사이의 중간 장벽을 뛰어 넘어 새로운 감염 특성을 나타내는 신·변종 바이러스의 출현 가능성은 진화적 유연관계가 높은 둘 이상의 바이러스 종류 사이의 유전자 재조합과

함께 신종 및 재출현 질환의 주요 인자로 제시되고 있다. 실제 오늘날 우리에게 큰 위협으로 다가온 신종 및 재출현 질환의 병원체 바이러스는 모두 RNA 바이러스라는 사실은 이와 같은 논리적 추론을 강하게 뒷받침 한다.

한편 앞서 소개된 유사종의 형성특성과 서로 다른 바이러스 사이의 유전자 재조합(특히, 유전자 재분류: reassortment) 등이 신·변종 바이러스 출현에 기여하는 유전적 영향인자라면 다른 한 축의 주요 기여 인자는 환경 생태학적 인자이다. 지구온난화 현상에 따른 기후변화를 예로 들어 서두에 소개한 내용을 곤충-매개형(vector-borne) 바이러스 질환을 중심으로 다시 정리해보자. 우선 기온과 강수량, 그리고 습도를 기준으로 나타나는 기후변화는 식생의 변화와 그에 따른 서식동물의 생태 변화로 연결되어 생물종 다양성의 변화를 초래하고 지역 생태계의 균집 재배치 효과로

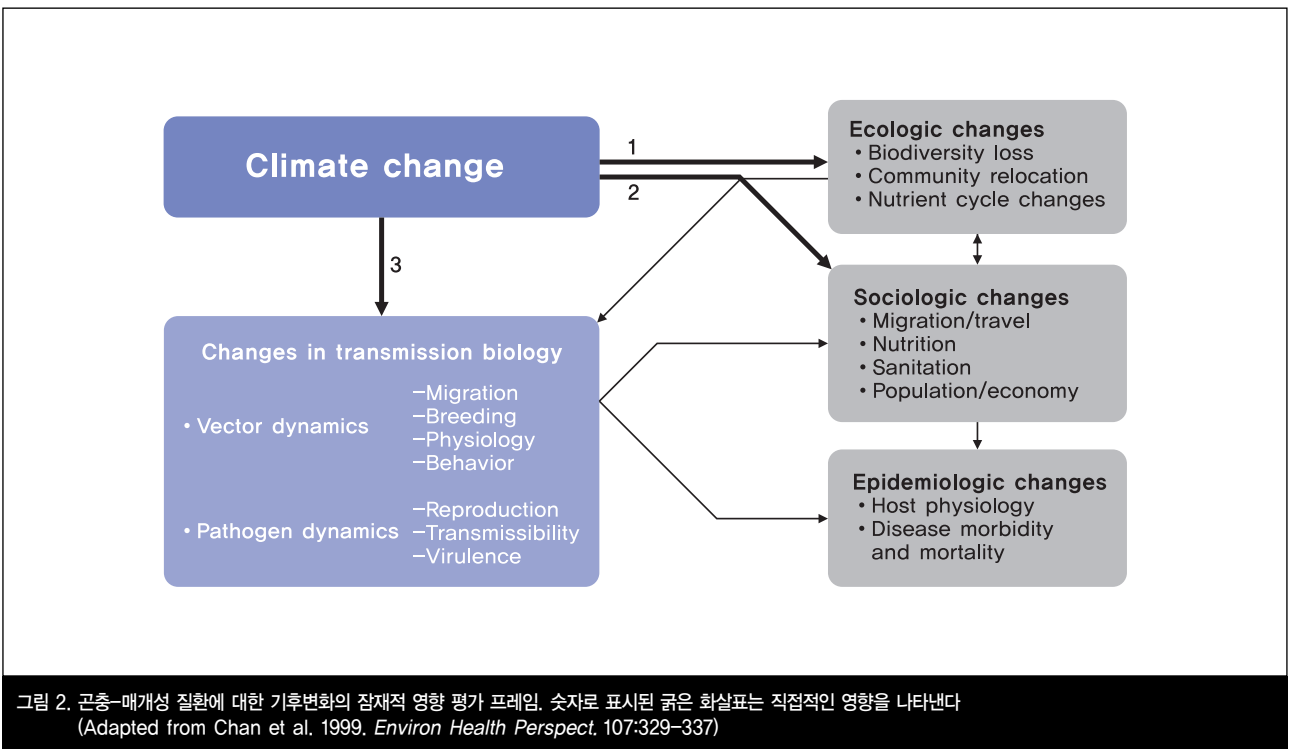


그림 2. 곤충-매개성 질환에 대한 기후변화의 잠재적 영향 평가 프레임. 숫자로 표시된 굵은 화살표는 직접적인 영향을 나타낸다 (Adapted from Chan et al. 1999. *Environ Health Perspect.* 107:329-337)



일반적으로 지구온난화와 같은 대규모의 기후변화는 극점으로 향할수록 그 영향이 커지며 상대적으로 냉대와 근접한 온대기후지역이면서 인구까지 밀집되어 있는 한반도는 적잖은 변화를 겪을 것으로 예상되고 있다. 그렇다면 세계 10대 경제대국이며 선진형 과학기술국가의 위상을 도모하고 있는 우리나라 역시 신·변종 바이러스의 출현에 대한 장기적이며 종합적인 대응체계의 수립 필요성을 공감하고 마땅한 준비를 시작하기에 너무 늦지 않았기를 바란다.

이어지며 이는 다시 영양물질 순환의 변화로 연결된다. 이는 다시 바이러스의 전파성향의 변화로 이어지는데 매개곤충의 이동과 생식, 생리 및 행동특성에 변화를 일으키며 이러한 변화는 다시 병원체 바이러스의 증식과 전파, 그리고 병원성(virulence)의 변화로 귀결된다.

기후변화는 또한 사회생태학적 변화에도 작용하여 사람들의 이주와 여행성향, 영양 상태, 공중보건 및 인구집중도와 경제여건에 변화를 초래하고 이러한 변화는 병원체 바이러스의 전파특성과 맞물려 궁극적인 역학적(epidemiological) 변화를 낳게 되는 것이다. 물론, 이러한 생태학적 변화 인자들과 앞에서 소개한 RNA 바이러스에 내재하는 높은 돌연변이 특성을 중심으로 한 유전학적 인자들은 각각 독립적으로 작용하거나 또는 함께 어울려 RNA 바이러스들의 유전적 다양성을 극대화할 것이며 이는 다시 숙주 범위의 중간 장벽을 뛰어넘어 증식 가능성을 끊임없이 높여가는 RNA 바이러스 생존특성의 기반을 제공한다.

**▶ 맺는말**

한라산 고지대의 구상나무들이 고사하고 사과의 주산지가 더 이상 대구 경북지역으로 제한되지 않으며 동해에서는 난류성 어종들의 포획이 증가하는 등의 일상적 예를 시시콜콜 들지 않더라도 우리는 이제 지구의 기온이 전에 없는 상승곡선을 그린다는 사실과 지역적

기후변화에 따른 자연의 변화를 부인할 수 없는 시간대에 살고 있다. 이와 같은 변화들은 지구생성 이후 반복되는 주기적 변화의 한 귀퉁이에 불과할 수도 있으며 혹은 급격한 산업화와 도시화에 따른 부작용의 결과일 수도 있을 것이다. 사실, 지구온난화 현상 자체에 대한 과학적 인지마저 불확실한 상황에서 지구온난화가 감염성 질환의 확산 동향에 실질적인 영향 인자로 작용하는 지의 여부도 명쾌하게 설명되지 못하고 있다. 그럼에도 불구하고 한 가지 확실한 사실은 오랫동안 사람들이 가져온 관습적 개념의 틀을 깨고 전례 없이 많은 신종 및 재출현 질환들이 대두되고 있고 그 원인 병원체로 다양한 신·변종 RNA 바이러스들이 지목되고 있으며 이러한 움직임이 둔화되거나 멈출 기미는 특별히 보이지 않는다는 것이다.

박테리아와 곰팡이부터 민들레와 사람에게 이르기까지 핵산으로 구성된 유전체를 보유하고 증식하는 지구상에 공존하는 모든 생명체들이 그러하듯 바이러스 또한 우리의 일상으로부터 박멸될 수 있는 존재가 아니다. 새로운 바이러스들은 끊임없이 우리 앞에 출현할 것이며 이들로 인한 질병과의 싸움도 인류가 존재하는 한 지속될 수밖에 없을 것이다. 다만 우리가 할 수 있는 최선은 이러한 병원성 바이러스들과 관련 질병들을 제어하고 관리하는 체계적이고 장기적인 과학적 전략의 마련과 활용이다. 이미 10여 년 전부터 미국

(US Global Change Research Program, USGCRP)과 유럽연합(WHO Regional Office for Europe<<http://www.who.it/globalchange>>))을 중심으로 한 선진국에서는 WHO(climate Change and Adaptation Strategies for Human health, cCASHh)와 연계하여 기후변화에 따른 감염성 질병의 출현과 전파 움직임을 관찰과 실험을 통해 분석하여 다차원적으로 지도화(multi-dimensional mapping)하는 한편, 관련 연구에 많은 재원을 투자하며 앞으로의 동향에의 주시하고 있다. 일반적으로 지구온난화와 같은 대규모의 기후변화는 극점으로 향할수록 그 영향이 커지며 상대적으로 냉대와 근접한 온대기후지역이면서 인구까지 밀집되어 있는 한반도는 적잖은 변화를 겪을 것으로 예상되고 있다. 그렇다면 세계 10대 경제대국이며 선진형 과학기술국가의 위상을 도모하고 있는 우리나라 역시 신·변종 바이러스의 출현에 대한 장기적이며 종합적인 대응체계의 수립 필요성을 공감하고 마땅한 준비를 시작하기에 너무 늦지 않았기를 바란다.

**(참고문헌)**

Domingo, E., C. K. Biebricher, M. Eigen, and J. J. Holland (2001) Quantitative molecular evolution. p47. In Quasispecies and RNA virus evolution. *Landes Bioscience & Eurekah.com*

Gubler, D. J., P. Reiter, K. L. Ebi, W. Yap, R. Nasci, and J. A. Patz (2001) Climate variability and change in the United States: potential impacts on vector- and rodent-borne diseases. *Environ. Health Perspect.* 109:223-233.

Karl, T. R. and K. E. Trenberth (2003) Modern global climate change. *Science* 302:1719-1723.

McMichael, A. J. (2004) Environmental and social influences on emerging infectious diseases: past, present, and future. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* 359:1049-1058.

Reiter, P. (2001) Climate change and mosquito-borne disease. *Environ. Health Perspect.* 109:141-161.

Weiss, R. A. and A. J. McMichael. (2004) Social and environmental risk factors in the emergence of infectious diseases. *Nature Med.* 10:S70-S76.