

# 국내 조류인플루엔자 발생 지역의 모델 패턴을 활용한 고병원성조류인플루엔자(HPAI)의 감염가능 지역 분석\*

엄치호<sup>1\*</sup> · 박선일<sup>2</sup> · 배선헌<sup>1</sup>

## Analysis of Potential Infection Site by Highly Pathogenic Avian Influenza Using Model Patterns of Avian Influenza Outbreak Area in Republic of Korea\*

Chi-Ho EOM<sup>1\*</sup> · Sun-Il PAK<sup>2</sup> · Sun-Hak BAE<sup>1</sup>

### 요 약

지리정보시스템(Geographic Information System: 이하 GIS)은 고병원성조류인플루엔자(Highly Pathogenic Avian Influenza: 이하 HPAI)의 예찰, 역학조사, 감염농장 관리, 예방적 살처분 실시, 청정화 진행 등 질병관리를 위한 전 과정에서 공간·위치정보의 관리와 표현 그리고 의사결정을 위한 도구로 활용될 수 있다. 우리나라에서도 2010-2011년 구제역 발생으로 큰 피해를 본 이후, GIS와 연계된 국가동물방역통합시스템(Korea Animal Health Integrated System: 이하 KAHIS)을 구축하여 가축전염병 관리를 시행하고 있다. 그러나 농장 및 축산관련 시설과 차량에 대한 관리 및 모니터링 수준의 KAHIS 방역통합시스템은 HPAI 예찰 및 방역에 역부족이다. 따라서 KAHIS시스템과 더불어 효율적 가축질병(HPAI) 관리를 위하여 본 연구를 실시하였다. 본 연구에서는 2014년 기준 HPAI 감염농장의 특성을 바탕으로 차후 HPAI 감염 가능 농장을 예측하였다. HPAI 감염농장 특징 분석을 위하여 권역별 HPAI-양성농장의 개수와 밀도 및 가금사육두수를 조사하였다. 조사결과 HPAI-양성농장의 82.4%가 전라지역과 충청지역에 분포하고 있었다. 위 두 지역에 위치한 HPAI-양성농장(충청지역:  $4.2 \pm 5.6$ , 전라지역:  $2.2 \pm 1.1$ )은 HPAI-음성농장(충청지역:  $1.8 \pm 1.5$ , 전라지역:  $1.7 \pm 0.7$ )에 비하여 통계적으로 높은 밀도값을 보여주었다. 또한 HPAI-양성농장의 92.4%에서 가금두수 최소 6,537에서 최대 24,250를 사육하고 있었다. 위의 HPAI 감염농장 특징은 GIS Multiple Ring Buffer(MRB) 기능을 이용하여 차후 HPAI 감염 가능 농장을 예측하는데 사용되었다. 분석결과 철새도래지 반경 30km(386개)와 35km(407개)

2017년 3월 9일 접수 Received on March 9, 2017 / 2017년 5월 15일 수정 Revised on May 15, 2017 / 2017년 5월 23일 심사완료 Accepted on May 23, 2017

\* 본 연구는 2016년 농림축산식품부 가축질병대응기술개발사업(Animal Disease Management Technology Development)의 “가축전염병 확산방지 역학조사 및 폐사축 매몰지 안전관리 시스템 개발(과제번호: 315038-2)”에 의해 수행되었음.

\* 본 논문은 2017년 2월 강원대학교 지리정보체계석사학위논문 “2014~2015년 고병원성조류인플루엔자의 확산에 관한 연구”의 내용을 발췌하여 작성하였음.

1 강원대학교 지리교육 Department of Geography Education, Kangwon National University

2 강원대학교 수의과대학 및 동물의학종합연구소 College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University

\* Corresponding Author E-mail : bluefox100@nate.com

내 위치한 HPAI-양성농장의 수는 HPAI 확산 후 전국 감염농장(429개)과 유사한 값을 보여주었다. 또한 철새도래지 반경 30km 내 위치한 일반가금농장 중 하천 반경 1-1.5km와 지방도로 반경 1km에 중첩되는 지역에 위치한 일반가금농장의 개수(324-409개) 및 지리적 위치는 2014년 HPAI-양성농장의 개수(386개)와 90.0% 그리고 지리적 위치와 54.8%의 유사성을 보였다. 본 연구는 철새도래지의 위치정보와 가금농장의 위치 및 사육가금두수의 정보를 토대로 GIS분석을 통하여 앞으로 발생할 HPAI 발생농장에 대한 추이를 판단할 수 있을 것으로 기대된다.

**주요어 :** 고병원성조류인플루엔자, 가금농장, 도로, 지리정보시스템, 철새도래지, 하천

## ABSTRACT

To facilitate prevention of highly pathogenic avian influenza (HPAI), a GIS is widely used for monitoring, investigating epidemics, managing HPAI-infected farms, and eradicating the disease. After the outbreak of foot-and-mouth disease in 2010 and 2011, the government of the Republic of Korea (ROK) established the GIS-based Korean Animal Health Integrated System (KAHIS) to avert livestock epidemics, including HPAI. However, the KAHIS is not sufficient for controlling HPAI outbreaks due to lack of responsibility in fieldwork, such as sterilization of HPAI-infected poultry farms and regions, control of infected animal movement, and implementation of an eradication strategy. An outbreak prediction model to support efficient HPAI control in the ROK is proposed here, constructed via analysis of HPAI outbreak patterns in the ROK. The results show that 82% of HPAI outbreaks occurred in Jeolla and Chungcheong Provinces. The density of poultry farms in these regions were  $2.2 \pm 1.1/\text{km}^2$  and  $4.2 \pm 5.6/\text{km}^2$ , respectively. In addition, reared animal numbers ranged between 6,537 and 24,250 individuals in poultry farms located in HPAI outbreak regions. Following identification of poultry farms in HPAI outbreak regions, an HPAI outbreak prediction model was designed using factors such as the habitat range for migratory birds(HMB), freshwater system characteristics, and local road networks. Using these factors, poultry farms which reared 6,500-25,000 individuals were filtered and compared with number of farms actually affected by HPAI outbreaks in the ROK. The HPAI prediction model shows that 90.0% of the number of poultry farms and 54.8% of the locations of poultry farms overlapped between an actual HPAI outbreak poultry farms reported in 2014 and poultry farms estimated by HPAI outbreak prediction model in the present study. These results clearly show that the HPAI outbreak prediction model is applicable for estimating HPAI outbreak regions in ROK.

**KEYWORDS :** *Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI), Poultry Farm, Local Road, Geographic Information System(GIS), Habitat of Migratory Birds(HMB), Freshwater System*

## 서 론

### 1. 연구의 배경 및 목적

고병원성조류인플루엔자(Highly Pathogenic Asian influenza 이하 HPAI)는 2003년 충북 음성에서 최초로 인플루엔자 아형(亞型)인 H5N1이 최초발병 이후 2017년 현재까지 가금농가 및 국가의 막대한 손실을 입히고 있다. 지리적 인접성과 철새의 이동경로를 근거로, 우리나라에서 유행하는 H5N1은 2005년 중국 칭하이성에 위치한 칭하이 호수(Qinghai Lake)에서 발병한 HPAI의 아형 H5N1이 철새의 이동을 통하여 주변국으로 확산되는 과정에서 유입된 것으로 추측되고 있다. 아형 H5N1은 2014년 이후 H5N8형 등으로 계속해서 변형되어 매년 발병하였으며, 가금산업 및 국가의 동물방역 기금에 막대한 피해를 주고 있다. 국제적으로 HPAI는 국제수역사무국(Office International des Epizooties, OIE)에 의하여 전염사례 및 대처방법이 보고되고 있다(MAFRA, 2016). OIE는 HPAI 발생지역 정보를 전 세계 행정정부와 공유하면서 전염병 근절 및 확산 방지를 실시한다(MAFRA, 2011). OIE 및 WHO의 감염 사례에 따르면 HPAI는 2005년 중국, 몽골, 한국, 일본을 포함한 동북아시아지역의 동물전염병에서 인도를 포함하여 유럽지역과 아프리카에서 유행하는 세계적인 형태의 전염병으로 발전하였다(Subbarao and Katz, 2000; WHO, 2013). 특히 2005년 중국에서 H5N1 감염으로 3000마리 이상 폐사한 기러기목 오리과 줄기러기의 주기적인 이주로 인하여 HPAI의 감염이 중국 주변국으로 확산된 이후 세계적인 감염형태로 발전한 것으로 추측하고 있다(Liu *et al.*, 2005; Chen *et al.*, 2006).

HPAI는 철새의 배설물을 통하여 주변 가금농장 및 원거리에 위치한 가금농장으로 감염 및 확산이 이루어진다. 예를 들면, 철새가 먹이섭식을 위하여 철새도래지 주변의 가금농장을 방문 후 배설한 배설물 혹은 가금농장과 철새도래지를 빈번히 왕래하는 야생동물을 통하여

유입되는 철새의 배설물의 직접감염을 통하여 이루어지는 형태를 1차 HPAI 확산 및 전파로 명한다(Si, 2011). 이후, HPAI 1차 감염농장을 방문한 외부차량 및 농장관계자 차량의 이동을 통하여 철새도래지로부터 지리적으로 떨어진 지역으로 감염균의 확산 및 전파가 이루어지는 것으로 추측되는데 이를 2차 확산 및 전파로 명한다(MAFRA, 2011). 따라서 이동매개체를 통하여 이루어지는 감염균의 2차 원거리 확산 및 전파 억제제를 위한 초기작업으로써 1차 감염농장의 특성규명 특히, 농장의 시설규모, 철새도래지와 인접성, 이동매개체 유입이 가능한 농장 주변 도로와의 인접성에 대한 연구가 필요하다.

본 연구는 HPAI 감염농가 방역 및 감염체 확산 방지를 위한 효과적인 대안을 제시하기 위하여 수행되었다. 이를 위하여 2014-2015년 전국에서 발생한 HPAI 감염농가의 피해규모를 산출하여 감염가금농가의 물리적 특성을 규명하였다. 이후, 철새도래지 반경 내 도로 및 수계의 공간분석을 통하여 HPAI 확산에 직접적인 영향을 미치는 지리적 요인을 분석하였다(Eom, 2017). 특히, 지리적 공간 정보 및 기상정보 데이터베이스를 이용하여 HPAI의 발생, 확산 및 전파의 위험요인에 대하여 밀도분석 및 시·공간 군집분석을 실시하였다. 또한, HPAI의 축산차량에 의한 2차 확산 및 전파 이전에 1차 확산 매개체인 철새 및 철새도래지를 통한 인근지역의 확산을 차단하기 위한 기초 방역 체계를 구축하기 위하여, 국내의 철새도래지와 HPAI 발생농가, 국가하천, 도로 정보를 이용해 인접분석, 농가의 밀집도, 버퍼분석 결과를 확인하여, HPAI 발생 가능 농가밀집 지역을 선정하고, 효율적이고 유동적인 방역시스템상의 보완대책을 제시하려 한다.

### 2. 연구사례

#### 1) 해외 연구사례

오래전부터 유럽, 미국, 호주, 캐나다와 같은 선진국에서는 GIS를 이용한 공간상에서의 질병관리 및 분석 그리고 톨의 개발 등을 위한 도

구로 GIS를 활용하고 있다. 선진국(미국, 유럽, 캐나다, 호주)에서는 동물질병(구제역, 조류인플루엔자)에 대한 여러 모델링 방법들이 개발되고 있다. 그 사례로 미국·캐나다의 North American Animal Disease Spread Model (NAADSM), 뉴질랜드의 InterSpread Plus 등의 동물질병 관리 모델이 있다. 그리고 위의 모델들을 이용하여 동물질병(구제역) 전파 확산에 대한 실제 또는 가상의 자료를 활용하여 역학적 시뮬레이션 모델 연구가 활발히 수행되고 있다 (Tildesley *et al.*, 2008). 또한, 미국의 지질조사국 U.S Geological Survey (USGS)에서는 2007년 야생 조류보존프로그램이라는 프로젝트 하에 미국에 서식하는 약 190,000마리의 야생 조류에 대한 고병원성조류인플루엔자(HPAI) 바이러스 조사를 하였다. 이런 조사 및 실험정보를 GIS를 이용해 조류인플루엔자 바이러스 지도를 만들었으며, 고병원성 바이러스에 대한 HEDDS (HPAI Early Detection Database System) 라는 조기 경보 데이터베이스를 구축하였다 (Garner and Hamilton, 2011). 이처럼 선진국에서는 예찰과 방역활동에 있어서 GIS를 적극적으로 활용하고 있으며, 이를 통해 한정된 자원을 효율적으로 활용하여 공간정보와 연계된 체계적인 질병의 관리가 이루어지고 있다.

## 2) 국내 연구사례

국내에서도 2010-2011년 구제역 발생으로 큰 피해를 본 이후, GIS와 연계된 국가동물방역 통합시스템(Korea Animal Health Integrated System: KAHIS)을 구축하여 가축전염병의 관리를 시행하고 있다. 그러나 KAHIS는 농가 및 축산관련 시설과 차량에 대한 실시간 모니터링의 수준에 머물러 있다. 최근에는 소셜네트워크 분석(Social Network Analysis: SNA) 기법을 이용한 구제역의 확산 속도에 관한 연구(Choi *et al.*, 2012), 시공간 군집분석을 이용한 구제역의 시간과 공간을 동시에 고려했을 때 어떠한 유형을 보여주는지에 관한 분석(Bae *et al.*, 2013), 소셜네트워크 분석을 통해 HPAI의 전파 및 확산 예측 분석(Lee *et al.*, 2014) 등이

시도되고 있다. 그리고 조류인플루엔자, 구제역 등의 동물 질병 관리 및 방역, 의사결정 도구의 개발을 위해 빅 데이터를 이용하여 여러 국가 기관에서 활발한 연구가 진행되고 있다. 그 예로는 '2014년 국내 발생 HPAI(고병원성 조류인플루엔자)의 시·공간 군집 분석' (Moon *et al.*, 2015), '도축장 출하차량 이동의 사회연결망 특성 분석' (Park *et al.*, 2016) 등의 연구가 있다.

## 연구의 내용 및 방법

### 1. 대상지 선정

본 연구에서는 전국의 HPAI 발생능가를 대상으로 실시되었다. 특히, 경기도(김포, 안성, 여주, 의정부, 평택, 포천, 화성), 경상도(밀양), 전라도(고창, 김제, 나주, 무안, 부안, 보성, 영광, 영암, 정읍, 해남), 충청도(논산, 부여, 음성, 진천, 천안, 청양)에 위치한 HPAI 발생능가를 집중 조사하였다. 그리고 서울특별시(0.2%), 제주특별자치도(1.1%), 세종특별자치시(1.1%), 광주광역시(0%), 대구광역시(0.2%), 대전광역시(0%), 울산광역시(0.7%), 인천광역시(0.2%)의 HPAI 발생능가 수는 다른 지역에 비하여 상대적으로 낮게 나타나, 위의 대단위 행정구역은 연구대상 지역에서 제외하였다.

### 2. HPAI 발생능가의 현황

2014-2015년 2년동안 국내에서의 HPAI 발생은 1차 발생, 2차 발생으로 구분하여 총 370건이 있었다. 피해 축종 현황은 1차 발생시 오리농가 161곳, 닭 농가 44곳, 메추리, 칠면조 등의 기타 가금농가 5곳으로 총 210곳의 피해 농가가 있었으며, 2차 발생의 피해 농가는 오리농가 11곳, 닭 농가 43곳 등 농가 160곳의 피해가 있었다(표 1).

### 3. 연구방법

본 연구에서는 칠새도래지 반경 설정과 반경 내 하천과 도로의 중첩을 이용한 HPAI 확산 후 감염 가능 농장을 예측하기 위하여 Multiple

TABLE 1. 2014–2015 HPAI outbreaks in Republic of Korea(ROK)

Unit : point

	1st wave	2nd wave
Duck Farms	161	117
Chicken Farms	44	43
Etc	5	0
Total	210	160

Ring Buffer(MRB)를 사용하였다. 지도상의 점(가금농장, 철새도래지)과 선(지방도로), 면(하천) 자료에 반경을 설정한 후 공간 내 특정 자료의 개수와 단위밀도(/km<sup>2</sup>) 등을 분석 하였다. 또한, 철새도래지 주변 철새의 활동 반경을 설정 후 농가로의 전파 요인(하천, 도로)과의 중첩분석 및 HPAI 발생농가의 가금 사육두수를 확인하여 HPAI 발생농가의 특성을 확인하였다.

#### 1) HPAI 발생농가와 비발생농가 밀도분석

‘2014년 고병원성조류인플루엔자 역학조사 보고서’에 보고된 HPAI 최초 감염농장을 중심으로 밀도를 분석하였다. 그리고 조류인플루엔자 방역실시요령(SOP)<sup>1)</sup>에 기준하여 반경을 설정하였다. 이를 위하여 각 권역별 HPAI 최초 발생농장을 선별한 후 조류인플루엔자 방역실시요령을 근거로 최초 발생농가 주변으로 3km(예방적 살처분 대상지역)의 가상반경을 설정하였다. 밀도분석을 위하여 HPAI 최초 감염농장을 중심으로 3km 반경에 위치한 HPAI 발생농가와 HPAI 비발생농가 주변으로 0.5km 가상 반경을 설정하였다. 이후, 중첩된 가상반경을 중심으로 HPAI 발생농가들과 HPAI 비발생농가들을 각각 구획한 후 밀도(농장개수/km<sup>2</sup>) 분석하였다.

#### 2) 철새도래지 반경 설정

철새 분비물은 HPAI 감염의 1차 요인으로 여겨진다. 고병원성조류인플루엔자 역학조사 보고서의 조사결과에 따르면 철새도래지 인근농가 주변을 비롯해 수 킬로미터에서 수십 킬로미터 떨어진 농가 및 논, 밭 등에서 철새의 분변과 사체 등이 발견되었다는 조사결과가 있다(MAFRA, 2011). 이는 철새가 먹이활동을 위하여 서식지

를 벗어나 멀리까지 이동한다는 것을 알 수 있다. 따라서 HPAI 확산 가능 영역을 설정하기 위하여 철새도래지를 중심으로 철새의 활동반경 설정이 필요하다. 이를 위하여 본 연구에서는 농림축산검역본부와 환경부에서 제공받은 철새도래지를 중심으로 25, 30, 35, 40km의 반경을 설정하였다. 이후 MRB 기능을 이용하여 인근 철새도래지와 중첩되는 영역을 중심으로 철새활동반경지역을 전국지도에 작성하였다.

#### 3) 철새 활동 반경지역 내 하천과 지방도로 반경 설정

철새 활동 반경지역에서 HPAI는 하천에서 활동하는 철새의 분비물이 지방도를 통하여 인근 가금농장으로 확산되는 것으로 예측하였다. 위 예측 값을 얻기 위하여 철새활동반경지역 내 하천과 지방도로에 대한 공간분석을 하였다. 이를 위하여 반경 내 하천과 지방도로 반경 1, 1.5, 2km 내 위치한 일반가금농장의 수와 위치정보를 각각 산출한 후, 철새 활동반경지역 내 HPAI 발생농가 개수·위치정보와 비교를 하였다.

#### 4) 철새 활동 반경지역 내 HPAI 감염가능 농가 예측

HPAI 발생농가의 특성을 바탕으로 철새 활동반경지역 내 HPAI 감염가능 농장을 예측하였다. HPAI 감염가능 농장 예측을 위하여 철새 활동반경지역 내 위치한 전체 가금농장에서 전체가금농장 중 가금두수 6,500–25,000을 사육하는 가금농장을 선별하였다. 가금두수를 이용하여 1차 선별된 가금농장은 위의 방법에서 산출된 하천과 지방도 값을 바탕으로 2차 선별된 후 HPAI 발생농가의 개수·위치와 비교되었다.

## 결과 및 고찰

### 1. 권역별 HPAI 발생 분포

2014년 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서를 바탕으로 HPAI 발생농가 자료를 공간 분석 및 일원분산분석(One way ANOVA) 통계분석 하였다. 전체 190개의 HPAI 발생농가 중 지역별 HPAI 발생농가는 강원권역 1개, 경기권역 23개, 경상권역 3개, 전라권역 82개, 충청도 81개의 HPAI 발생농가가 분포하고 있음을 확인하였다. 위의 분포현황을 통해 지역별 HPAI 발생농가의 지역별 평균분포현황(평균±표준편차)은 전라권역(8.0±9.8)과 충청권역(9.6±19.4)의 HPAI 발생빈도는 상대적으로 경기권역(4.7±6.7), 경상권역(1.5±0.8), 강원권역(1.0±0.0)에 비하여 상대적으로 높은 값을 보여주었다(그림 1). 이는 각 권역별 전체 가금농가(17,473개)의 개수와 비례한다. 예를 들면, 충청권역(5,464개)과 전라권역(4,248개)의 전체 가금농가 개수는 경상권역(3,093개), 경기권역(1,691개), 강원권역(1,657개)에 비하여 높은 값을 보여주었다. 하지만 충청권역(7354.4±397.9)과 전라권역(12512.4±473.6)에 비하여 경기권역(21813.6±1127.2)의 가금사육두수

평균값은 월등히 높았다. 또한 전체가금사육두수(5,799,916)는 경기권역 중 충청북도 도계계선과 인접한 여주시의 가금사육두수 평균값이(215,000±205,000) 경기권의 평균 가금사육두수 상승을 주도했다. 따라서 권역별 전체농가 개수와 가금사육두수는 비례하지 않았다.

### 2. HPAI 확산 후 전국 HPAI 발생농가의 가금 사육두수

2014년 HPAI 확산 후 전국의 감염농가 가금 사육두수 확인을 위하여 실제 가금 사육두수와 해당 가금 수를 사육하는 농가개수를 분석하였다. 분석결과, 전국의 HPAI 발생농가 중 92.4%의 농가에서 최소 6,537, 최대 24,250의 가금을 사육하고 있었다. 세부적으로 가금두수 1,000-10,000을 사육하는 농가와 10,000-100,000을 사육하는 농가는 각각 34.8% 와 57.6%를 차지하고 있었으며 이들 농가의 사육두수는 6,814.7±276.1과 22,665.3±1,584.8 이었다(표 2). ‘2014년 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서’에서 보고된 우리나라 전체 HPAI 발생농가 중 190개 농가의 가금 사육두수는 누락되었다. 따라서 누락된 자료는 본 연구에서 제한적으로 사용되었다.

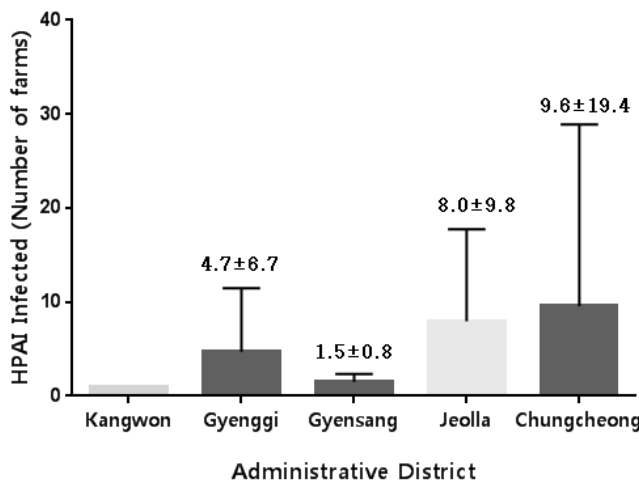


FIGURE 1. Density of HPAI-infected farms in administrative district, Republic of Korea(ROK)

TABLE 2. Characterization of habitat for migratory birds(HMB) in Republic of Korea(ROK). Asterisk shows a range of HMB applied in this study for estimating of potential HPAI-infected farms

Reared animal number range (per farm)	Number of HPAI-Infected farms	Ratio(%)	Reared animal number (mean±S.D.)
<100	1	0.5	51±0.0
100-1,000	4	2.2	477.5±163.3
1,000-10,000	64	34.8*	6,812.7±276.1
10,000-100,000	106	57.6*	22,665.3±1,584.8
>100,000	9	4.9	5,295,299.0±4,991,143.7
n/a	186		
Total	370	100	

### 3. HPAI 발생과 비발생 농가의 밀도분석

HPAI 감염율이 높은 전라권역과 충청권역 중 처음으로 보고된 HPAI 발생농가를 중심으로 반경 3km(예방적 살처분 대상지역) 지역 내 HPAI 발생농가와 HPAI 비발생농가의 밀도를 분석하였다. 분석결과 HPAI 발생농가들 간의 밀도(충청권역:  $4.2 \pm 5.6$ , 전라권역:  $2.2 \pm 1.1$ )는 HPAI 비발생농가들간의 밀도(충청권역:  $1.8 \pm 1.5$ , 전라권역:  $1.7 \pm 0.7$ )에 비하여 통계적으로 높은 값을 보여주었다(student's t-test, 충

청권역  $p=0.006$ , 전라권역  $p=0.002$ ) (그림 2). 또한 HPAI 감염율이 높은 충청권역의 음성과 진천에 위치한 농가들의 밀도를 GIS 상에서 확인해 본 결과, HPAI 발생농가들은 밀집된 군집형태를 보여준 반면(그림 3A) HPAI 비발생농가들의 밀집형태는 분산되어 있음을 보여주었다. 이는 일정 거리내 밀집된 농가가 많을수록 HPAI가 빠르게 전파하는 것을 볼 수 있다(그림 3B).

위의 결과들을 종합하면 HPAI 발생농가는 가금두수 최소 6,537에서 최대 24,250을 사육

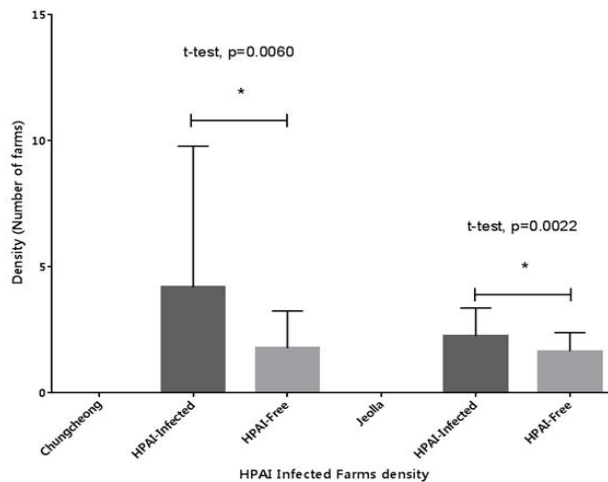


FIGURE 2. Densities comparison between HPAI-infected farms(HPAIIF) and HPAI-free farms(HPAIFF) after outbreak. Both Chungcheong ( $p=0.006$ ) and Jeolla ( $p=0.002$ ), densities in HPAIIF is significantly higher than in HPAIFF (student's t-test)

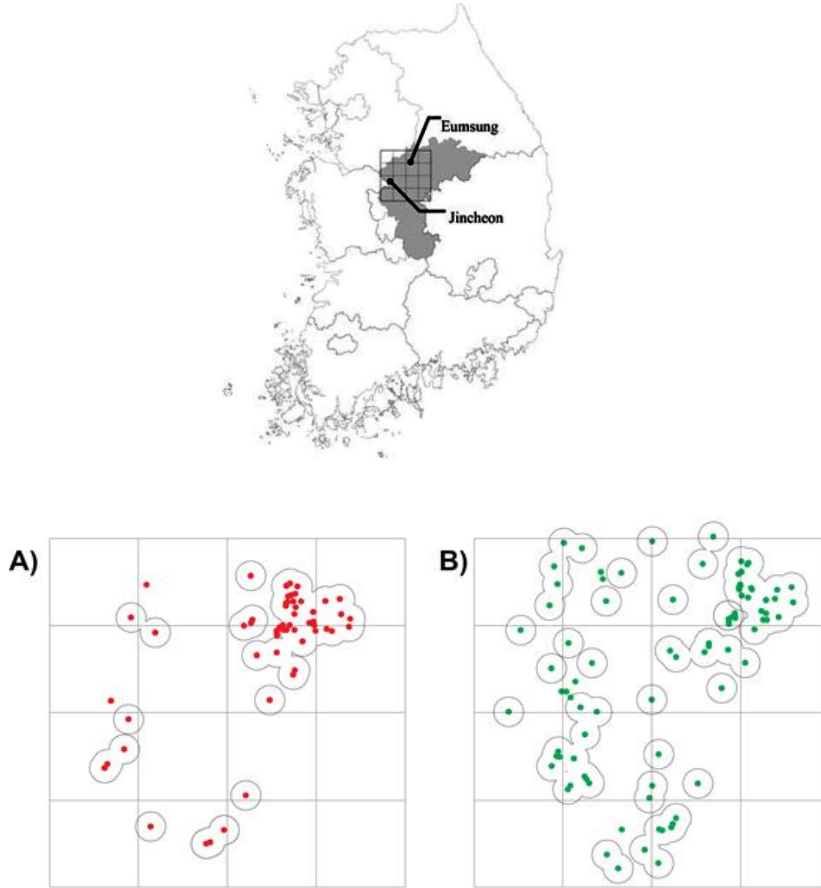


FIGURE 3. Density of A) HPAI-infected (Red) and B) non-infected (Green) poultry farms in Eumsung and Jincheon city, Republic of Korea(ROK)

하고 있었다. 이러한 HPAI 발생농가의 특성들은 이후 HPAI 감염농가 예측을 위한 조건으로 사용되었다.

#### 4. 철새도래지의 반경설정

본 연구에서는 철새를 HPAI 확산의 1차 원인으로 설정하였다. 따라서 HPAI 확산의 1차 원인으로 주목받는 철새의 이동 및 활동 범위 설정이 필요하다. 철새의 이동 및 활동 범위 설정을 위하여 2014-2015년 전국의 HPAI 발생농가 개수와 철새도래지 반경(25, 30, 35, 40km) 내 HPAI 발생농가 개수를 비교하였다. 비교결과, 2014년 전국의 HPAI 발생농가 개수

(429개)는 철새도래지들 간의 MRB 반경(철새도래지) 30km(386개), 35km(407개), 40km(417개)에 위치한 HPAI 발생농가 개수와 각각 90.0%, 94.9%, 97.2%의 유사성을 보였다. 이 중 철새도래지들 MRB 반경 35km와 40km에 위치한 HPAI 발생농가 개수간의 차이는 10이었다. 따라서 효율적이고 경제적인 방역 제안을 위하여 지리적으로 넓은 40km 구간을 배제하고 30-35km 구간을 철새활동으로 인한 HPAI 감염 가능 지역으로 선택하였다(표 3). 그리고 효율적인 방역 제한구역 설정을 위하여 30km 구간을 철새활동으로 인한 HPAI 감염 가능 지역으로 선택하였다(그림 4).



TABLE 3. Characterization of habitat for migratory birds(HMB) in Republic of Korea(ROK). Asterisk shows a range of HMB applied in this study for estimating of potential HPAI–infected farms

Province	Number of HPAI–infected farms	Number of HPAI–infected farms in HMB (within 25km)	Number of HPAI–infected farms in HMB (within 30km)	Number of HPAI–infected farms in HMB (within 35km)	Number of HPAI–infected farms in HMB (within 40km)
Gangwon	2	0	0	0	1
Gyeonggi	66	35	50	54	60
Gyeongsang	9	3	4	5	5
Jeolla	199	164	181	195	198
Chungcheong	153	122	151	153	153
Total	429	324	386*	407	417

\*HMB – Habitat for Migratory Birds

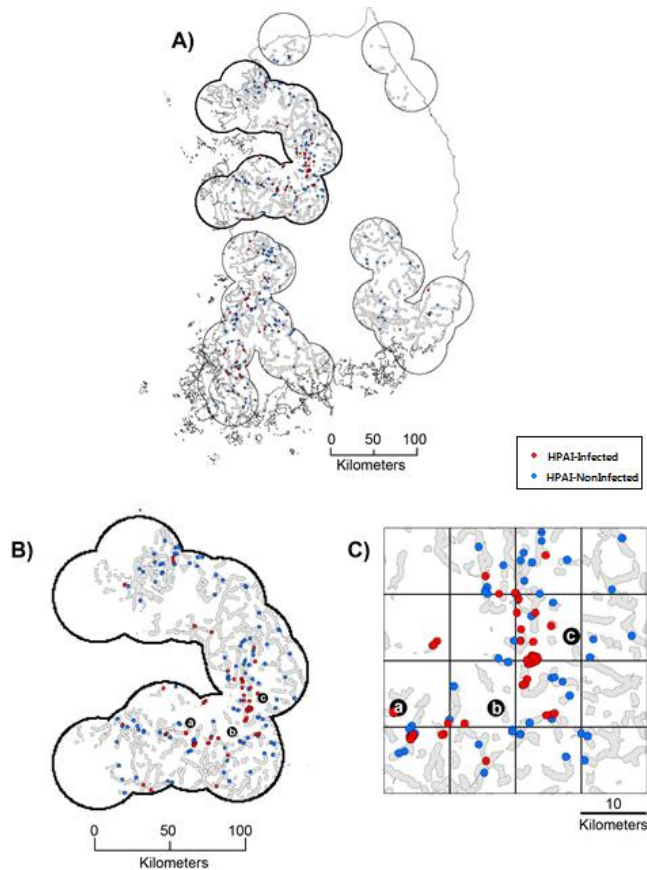


FIGURE 4. Distribution of freshwater channels and public roads in boundaries of seasonal migratory birds habitat, Republic of Korea(ROK). A) boundary of habitat for migratory birds (30km), B) Overlapping areas of freshwater system(1–1.5km) and local road(1km), C) located in the overlapping area of HPAI Infected Farms(red–dot) and Non–infected–Farms(blue–dot)

**5. Multiple Ring Buffer 분석을 이용한 HPAI 감염가능농가 예측**

차후 철새의 유입으로 인한 HPAI 감염가능농가 선정을 위하여 본 연구에서는 철새도래지 반경 30km 내 위치한 2014년 HPAI 발생농가 개수(386개)를 기준 값으로 설정하였다. 위의 기준 값은 철새도래지 30km 내 위치한 일반가금농가 중 (가금두수 6,500-25,000) 차후 HPAI 감염가능농가를 선별하기 위한 기준으로 사용되었다. 선별결과, 하천 반경 1km와 지방도로 1km(324개) 혹은 하천 반경 1.5km와 지방도로 1km(409개) 중첩지역에 위치한 일반가금농가의 개수가 철새도래지 반경 30km 내 위치한 일반가금농가 개수(386개)와 유사성을 보여주었다(표 4). 또한 철새도래지 반경 30km 내 위치한 HPAI 발생농가(빨간점)(그림 5D)와 일반가금농가 중 하천 반경 1-1.5km와 지방도로 반경 1km에 중첩한 지역의 가금농가

(파란점)(그림 5C)는 54.8%의 지리적 유사성도 보여주었다(그림 5E, F).

‘2014년 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서’에서 보고된 철새도래지를 중심으로 반경 30km 내에는 우리나라 국가하천과 지방하천 2급이 주로 분포하고 있었다. 국가하천(한강, 낙동강, 금강, 영산강 등)과 국가하천으로 유입되거나 국가하천에서 분기되는 지방하천 2급은 철새의 유입이 가능한 크기이다. 또한 철새는 먹이원을 찾아 수역 주변의 농가와 논밭에 출몰한다(NIER, 2012). 이후 수역 근처 농가와 논밭에 남겨진 철새로부터 배출된 분비물은 사람과 차량·기구에 의하여 주변 가금농가로 전염된다(MAFRA, 2011). 따라서 철새도래지 주변 하천망과 도로는 HPAI의 감염과 확산에 주된 요인으로 여겨진다. 따라서 본 연구에서 제한한 철새도래지 반경 30km 내 하천과 지방도로 주변에 위치한 가금사육두수 6,500-25,000 농가 들은 차후 HPAI 감염율이 다른 지역의 농가들

TABLE 4. Number of potential HPAI-infected farms filtered by freshwater system and local road using multiple ring buffer(MRB). The MRB filtered numbers were compared with actual number of HPAI-infected farms(HPAIIF) in a boundary of 30km from the habitat for migratory birds(HMB)

A)

Province	(1) Number of HPAI-infected farms in HMB(within 30km)	In HMB, (2)Number of farms around FW system(radius 1km)	In (2), number of farms around local road (radius 1km)	In (2), number of farms around local road (radius 1.5km)
Gangwon	0	6	2	2
Gyeonggi	50	133	70	91
Gyeongsang	4	75	30	83
Jeolla	181	278	133	168
Chungcheong	151	179	89	114
Total	386	671	324	413

B)

Province	(1) Number of HPAI-infected farms in HMB(within 30km)	In HMB, (2)Number of farms around FW system(radius 1km)	In (2), number of farms around local road (radius 1km)	In (2), number of farms around local road (radius 1.5km)
Gangwon	0	10	4	4
Gyeonggi	50	167	84	117
Gyeongsang	4	97	35	50
Jeolla	181	353	177	226
Chungcheong	151	226	109	140
Total	386	853	409	537

\*HMB - Habitat for Migratory Birds

\*FW - Fresh Water

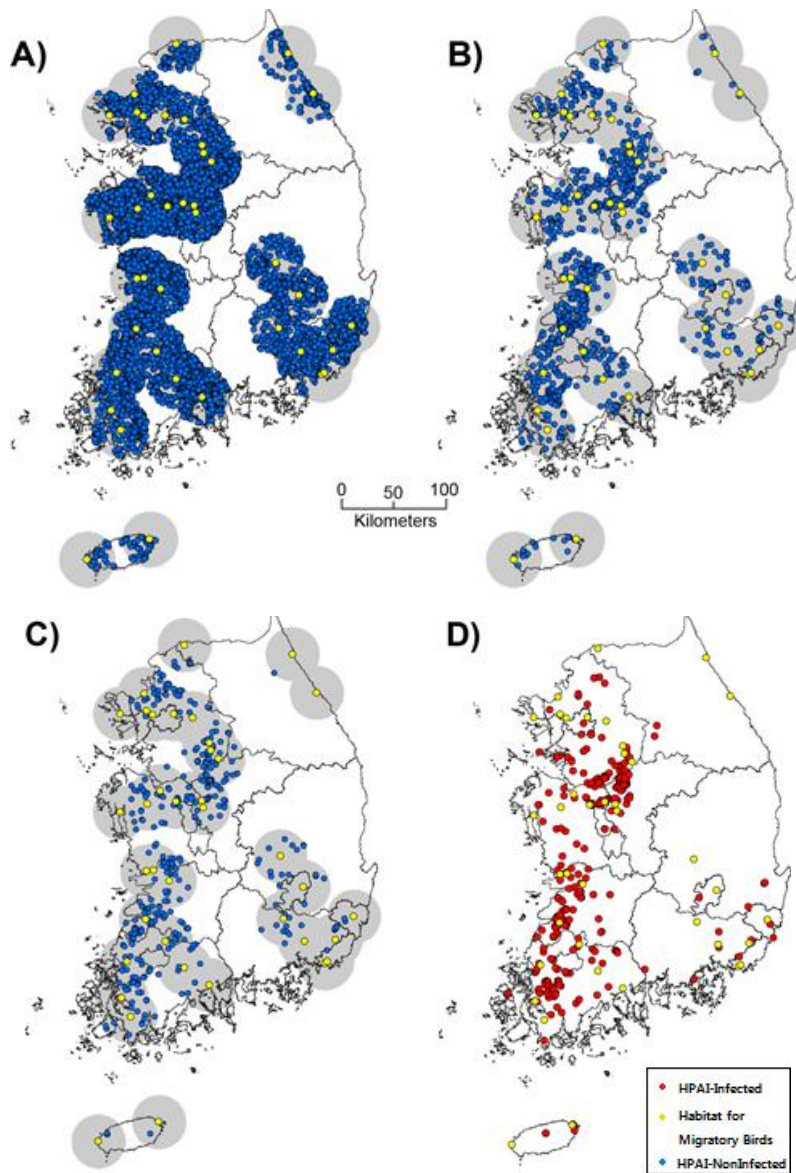


FIGURE 5. Procedure to estimate potential HPAI-infected farms after outbreak (HPAIF, red-filled dots) from HPAI-Non Infected farms before outbreak (HPAINF, filled blue-filled dots) using Multiple Ring Buffer (MRB, pink-filled circles and large open blue circles in F). Entire A) HPAIFB in a 30km boundary of habitat for migratory birds (HMB, yellow dots) were initially B) filtered by average number of reared animals (6,500–25,000). The HPAINF in B) were repeatedly filtered by designated ranges of freshwater system (1–1.5km) and local road (1km) and C) selected in overlapped area between freshwater system and local road in 30km boundary of HMB. The selected HPAINF in C) were compared with D) number and location of HPAIF. E) and F) show severe HPAI outbreak in Chungcheong region, especially Cheonan, Eumsung, and Jincheon in Republic of Korea (ROK). Scales show 100km (A–D) and 10km (E–F) respectively

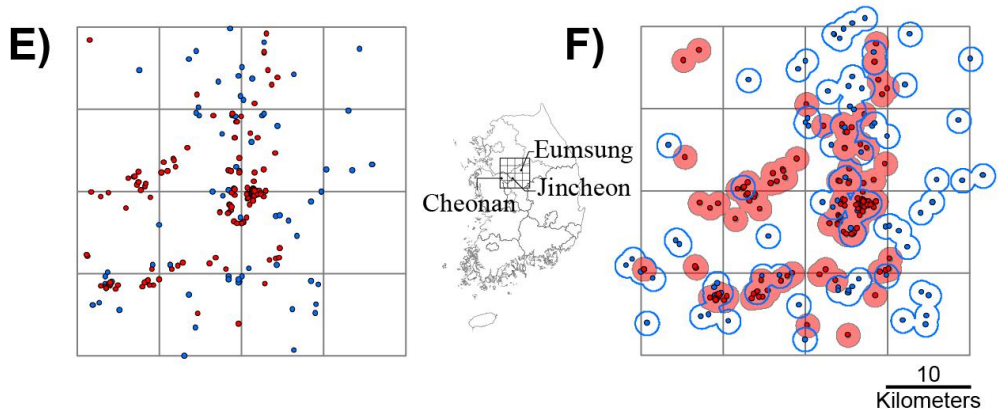


FIGURE 5. Continued

TABLE 5. Regional comparison between actual number of HPAI-infected farms(HPAIIF) in 2014 and estimated number of potential number of farms. These numbers were calculated from the overlapped regions that was created by MRB filtration with habitat for migratory birds(HMB), freshwater system, and local road

Province <i>Administrative district</i>	Number of HPAI-infected farms in overlapped area	Number of farms in overlapped area
Gangwon	0	0
Gyeonggi		
Ansung	12	5
Gimpo	1	2
Incheon	3	1
Yangju	2	4
Yeosu	2	2
Gyeongsang	0	0
Jeolla		
Bosung	1	1
Buan	14	3
Damyang	1	1
Gimjae	5	2
Gochang	10	4
Haenam	2	3
Hampyung	1	2
Iksan	1	4
Jungup	15	20
Muan	9	7
Naju	28	12
Sunchang	2	6
Sungcheon	1	3
Yeongam	21	9
Yeonggwang	0	1
Chungcheong		
Asan	1	2
Buyeo	1	1
Changwon	0	2
Cheonan	26	8

TABLE 5. Continued

Province <i>Administrative district</i>	Number of HPAI-infected farms in overlapped area	Number of farms in overlapped area
Dangjin	1	0
Jeungpyeong	3	1
Jincheon	10	7
Nonsan	1	0
Seosan	1	1
Eumsung	73	22

에 비하여 높을 것으로 예상된다. 실질적으로 철새도래지 반경 30km 내 하천과 지방도로 주변에 위치한 2014년 HPAI 발생농가의 지역별 위치·개수와 본 연구를 통하여 예측된 농가의 위치·개수는 유사성을 보여준다(표 5).

## 결론

본 연구는 우리나라 HPAI 감염 특성을 분석한 후 차후 철새의 도래로 인한 HPAI 발생 가능 지역을 예측하기 위하여 시행되었다. 연구 결과는 HPAI 발생 가능 지역을 예측 가능하게 하고 이를 통하여 효율적인 HPAI 예찰과 정확한 지정학적 HPAI 방역을 가능하게 할 것으로 기대한다.

‘2014 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서’에 보고된 우리나라 HPAI 감염 농장의 90.0%가 철새도래지 반경 30km에 위치하였다. 이는 HPAI 보균 철새분변과 주변 가금농가의 HPAI 감염을 증가 및 확산의 상관관계를 간접적으로 증명한다. 이러한 철새분변과 HPAI 감염율간의 상관관계는 본 연구에서도 확인되었다. 예를 들면, 경상지역의 가금농장 수와 가금사육두수는 HPAI 발생율이 높았던 전라권역과 충청권역의 가금농장 수와 가금사육두수와 비교하여 비슷하거나 높은 값을 보여주었다. 하지만 경상지역은 HPAI 발생율이 가장 낮았던 강원권역의 HPAI 발생율과 차이를 보이지 않았다(student’s t-test,  $p=0.4533$ ). 따라서 강원권역과 경상권역의 경우 HPAI 발생을 야기하는 철새도래지 부재가 다른 지역에 비하여 HPAI 발생율이 적은 원인으로 여겨진다.

철새도래지 반경 30km 내 위치한 2014년

기준 HPAI 감염 농장의 평균 가금 사육두수는 최소 6,537에서 최대 24,250 였으며, 이들 발생농장 밀도는 HPAI 발생빈도가 높았던 충청권역과 전라권역의 경우 단위제곱킬로미터당 평균  $4.2 \pm 5.6$ 와  $2.2 \pm 1.1$ 였다. 또한 이들 HPAI 발생농가는 철새도래지 반경 30km 내 위치한 하천과 도로 주변에 위치하였다. 세부적으로는 하천 반경 1-1.5km와 지방도로 반경 1km 중첩 지역에 HPAI 발생농가의 분포가 집중되어 있었다. 이를 증명하기 위하여 본 연구는 철새도래지 반경 30km 내 위치한 HPAI 발생 이전의 전체가금농가 17,473개를 대상으로 가금사육두수 6,500-25,000인 농가를 1차 분류하였다. 이후 하천 반경 1-1.5km와 지방도로 1km 중첩 지역에 위치한 농장을 선정하여 2차 분류하였다. 2차 분류를 통하여 얻은 가금농장의 개수와 위치는 2014년 HPAI 발생농가의 개수와 90.0%, 지리적 위치 54.8%의 유사성을 보여주었다. 따라서 차후 철새도래지 정보를 중심으로 하천과 지방도로의 기준을 사용한다면, HPAI 감염 가능 지역 예측이 가능할 것으로 예상된다. 이후 HPAI 감염 가능 예측 지역을 중심으로 농장밀도가 단위제곱킬로미터당 평균  $2.2 \pm 1.1$ 에서  $4.2 \pm 5.6$ 인 농장 밀집지역에 대한 집중적인 HPAI 예찰 및 방역을 실시한다면 HPAI 확산을 억제할 수 있을 것으로 기대한다.

예측된 HPAI 감염 가능 농장은 2014년 HPAI 발생농가와 지리적으로 54.8%의 유사성을 보여주었다. ‘2014년 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서’를 분석한 결과 우리나라에서 발생한 HPAI는 최초 HPAI 발생 농장을 중심으로 주변 농장으로 확산되는 형태를 보여주었다. 따라서 본 연구를 통하여 제안된 철새도래

지 반경 30km 내 하천과 지방도로가 중첩된 지역의 가금농장은 철새의 분변을 통하여 최초로 HPAI감염을 일으킬 수 있는 농장이 밀집되어 있을 확률이 높다. 차후 최초 HPAI 감염 가능농장 밀집지역에 대한 예찰과 방역을 집중한다면 산발적인 HPAI감염 확산을 방지할 수 있을 것이다. 따라서 본 연구를 통하여 제안 가능한 예측 값은 실제 HPAI감염 가능 농가와 비교하여 지리적 유사성이 증가할 것으로 예상된다.

본 연구는 2014년 HPAI 발생농가의 특성을 바탕으로 차후 HPAI 감염 가능농장의 지리적 위치와 밀집도를 예측하였다. 연구 과정에서 HPAI 예찰 및 방역에 투입 가능한 행정 인력의 한계로 인하여 우리나라 가금농가들 중 HPAI 추가 발생 농가, 가금사육두수, 살처분두수 등이 누락된 자료를 사용하였다. 누락된 조사 자료는 본 연구의 HPAI발생 가능 농가 예측 값 하락에 영향을 주었다. 예를 들면 Table 2에서 제시한 바와 같이 2014-2015년 HPAI 발생농가 370개 중 186개 농가의 가금사육두수가 누락되었다. 따라서 위의 누락자료에 대한 추가 조사가 이루어진다면 본 연구를 위한 분석자료 양은 49.7%가 증가되며 이는 HPAI 감염 가능 농장 예측 값에 직접적인 영향을 줄 수 있을 것이라 생각한다. 따라서 차후 가금사육두수 및 살처분두수에 대한 정확한 기록이 필요하다.

본 연구는 지리정보시스템(GIS)을 이용하여 철래도래지 반경 30km 내 하천과 지방도로 반경 1-1.5km와 1km에 중첩한 지역에 위치한 밀도  $2.2 \pm 1.1 - 4.2 \pm 5.6 / \text{km}^2$ 의 가금농장 중 가금두수 6,500-25,000을 사육하는 농장을 HPAI 감염 가능 농가로 예측하였다. 연구 결과를 통하여 향후 HPAI 예찰과 방역의 효율성과 정확성을 기대하는 바이다. **KAGIS**

## 주

- 1) 500m: 살처분, 500m-3km: 예방적 살처분, 3km-10km: 이동통제

## REFERENCES

- Bae, S.H., H.Y. Jung, and C.H. Eom. 2016. Social network type analysis of Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) outbreaks in South Korea, 2014-2016. Journal of the Korea Association of Geographic Information Studies 19(3):114-126 (배선학, 정해용, 엄치호. 2016. 2014-2016 국내 발생 고병원성조류인플루엔자(HPAI)의 사회연결망(Social Network) 유형 분석. 한국지리정보학회지 19(3):114-126).
- Bae, S.H., Y.K. Shin, B.H. Kim, and S.i. Pak. 2013. Temporospacial clustering analysis of foot-and-mouth disease transmission in South Korea, 2010-2011. Korean J Vet Res 53(1):49-54 (배선학, 신연경, 김병환, 박선일. 2013. 시공간 클러스터링 분석을 이용한 2010-2011 국내 발생 구제역 전파양상. 대한수의학회지 53(1): 49-54).
- Chen, H.X., H.G. Shen, X.L. Li, J.Y. Zhou, Y.Q. Hou, J.Q. Guo, and J.Q. Hu. 2006. Seroprevalance and identification of influenza a virus infection from migratory wild waterfowl in China (2004-2005). Journal of Veterinary Medicine, Series B 53(4):166-170.
- Choi, S.K., H.H. Song, and K.S. Park. 2012. Analysis of foot-and-mouth disease diffusion velocity using network tool. The Korea Society For Geospatial Information System 20(2):101-107 (최석근, 송해화, 박경식. 2012. 네트워크기법을 이용한 구제역 확산 속도 분석. 한국지형공간정보학회지 20(2):101-107).
- Eom, C.H. 2017. A study on highly pathogenic avian influenza(HPAI) outbreaks in South Korea during 2014-2015. Master Thesis. University of Kangwon, Chuncheon,

- South Korea. pp.19-29 (엄치호. 2017. 2014~2015년 고병원성조류인플루엔자의 확산에 관한 연구. 강원대학교 대학원 석사학위 논문. 19-29쪽).
- Garner, M. and S. Hamilton. 2011. Principles of epidemiological modelling. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)* 302:407-416.
- Lee, H.J., K. Suh, N.S. Jung, I.B. Lee, I.H. Seo, O.K. Moon, and J.J. Lee. 2014. Prediction of the spread of highly pathogenic avian influenza using a multifactor network: Part 2 -Comprehensive network analysis with direct/indirect infection route. *Bio-systems Engineering* 118(2014):115-127.
- Liu, J., H. Xiao, F. Lei, Q. Zhu, K. Qin, X.W. Zhang, X.I. Zhang, D. Zhao, G. Wang, Y. Feng, J. Ma, W. Liu, J. Wang, and G.F. Gao. 2005. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* 309(5738):1206-1206.
- MAFRA(Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs). 2011. 2010-2011 Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) epidemiology reports. pp3-4 (농림축산식품부. 2011. 2010-2011 고병원성조류인플루엔자 역학조사보고서. 3-4쪽).
- MAFRA(Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs). 2016. 2014-2016 Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) epidemiology reports(unpublished data). (농림축산식품부. 2016. 2014-2016 고병원성 조류인플루엔자. 역학조사보고서).
- Moon, O.K., S.B. Cho, and S.H. Bae. 2015. Spatio-temporal clustering analysis of HPAI outbreaks in South Korea, 2014. *Journal of the Korea Association of Geographic Information Studies* 18(3): 89-101 (문운경, 조성범, 배선휘. 2015. 2014년 국내 발생 HPAI(고병원성 조류인플루엔자)의 시·공간 군집 분석. *한국지리정보학회지* 18(3):89-101).
- NIER(National Institute of Environmental Research). 2012. Higher risk species-Highly Pathogenic Avian Influenza. pp5 (국립환경과학원. 2012. 야생조류와 조류인플루엔자-고병원성 조류인플루엔자 주의 야생조류 목록과 특징. 5쪽).
- Park, S.I., H.S. Park, W.S. Jeong, and G.J. Lee. 2016. Utilizing spatial and temporal information in KAHIS for aiding animal disease control activities. *Journal of the Korea Association of Geographic Information Studies* 19(4):186-198 (박선일, 박홍식, 정우석, 이경주. 2016. 가축질병 방역 활동 지원을 위한 국가동물방역통합시스템 시공간 정보 활용. *한국지리정보학회지* 19(4): 186-198).
- Si, Y. 2011. Avian influenza and migratory birds: a spatial-ecological perspective. Ph D. Thesis, University of Twente, Hubei, China pp.2-3.
- Subbarao, K. and J. Katz. 2000. Avian influenza viruses infecting humans. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 57(12):1770-1784.
- Tildesley, M.J. and M.J. Keeling. 2008. Modelling foot-and-mouth disease: a comparison between the UK and Denmark. *Preventive veterinary medicine* 85 (1):107-124.
- WHO(World Health Organization). 2013. H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza: timeline of major events. [http://www.who.int/influenza/human\\_animal\\_interface/en/](http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/en/) (Accessed March 1, 2017). **KAGIS**