

2021년 강원도 양식 무지개송어 및 은연어 비법정전염병 모니터링

우수지* · 이승훈* · 김소선* · 변순규* · 송준영** · 황성돈***†

*국립수산과학원 동해수산연구소 양식산업과

**국립수산과학원 병리연구과

***한국해양대학교 해양과학융합학부

Disease monitoring of cultured rainbow trout and coho salmon in Gangwon province in 2021

Soo-ji Woo*, Seung Hoon Lee*, So-Sun Kim*, Soon-Gyu Byun*,
Joon-Young Song** and Seong Don Hwang***†

*East Sea Fisheries Research Institute, National Institute of Fisheries Science,
Gangneung-si 25435, Republic of Korea

**Pathology Research Division, National Institute of Fisheries Science, Busan 46083, Republic of Korea

***Division of Convergence on Marine Science, Korea Maritime and Ocean University,
Busan 49112, Republic of Korea

Disease including parasite, bacteria and virus cause serious mortality to salmonid fish in the aquaculture. In this study, we investigated the current disease status of the rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) in Yanayang, Pyeongchang, Jeongseon and Yeongwol of Gangwon province in 2021 and performed molecular characterization of those pathogen. For parasites, *Ichthyophthirius multifiliis* was observed at 2 farms. For bacteria, we identified *Aeromonas sobria* from kidney of rainbow trout using phylogenetic analysis of *gyrB* gene. *A. salmonicida* were isolated from necrosis site of gill cover and fin in coho salmon and necrotic lesion of fin in rainbow trout. Phylogenetic analysis using *vap* gene indicated that *A. salmonicida* isolated in this study were clustered with previously reported *A. salmonicida* subsp. *salmonicida* isolates. For virus, JRt-Nagano type of infectious haematopoietic necrosis virus was detected in rainbow trout, but infectious pancreatic necrosis virus and *Oncorhynchus masou* virus were not detected. These results provide useful information for the prevention of disease spread and transmission when cultivating new species such as Atlantic salmon in Korea.

Key words: Rainbow trout, Coho salmon, *Aeromonas*, Phylogenetic analysis, Infectious haematopoietic necrosis virus

†Corresponding author: Seong Don Hwang
Tel: +82-51-410-4321, Fax: +82-51-404-4750
E-mail: sdhwang@kmou.ac.kr

서 론

연어과 어류에서 다양한 기생충성 질병, 세균성 질병, 바이러스성 질병 발생이 증가함에 따라 연어과 어류가 대량 폐사하여 양식장에 심각한 경제적 피해를 초래한다. 수산생물질병관리법에 의거, 연어과 어류에 감수성이 있는 수산생물전염병은 총 5종이 있으며 해당 전염병 발생 시 방역조치를 실시하여 전염병 전파 및 확산을 방지하고 있다 (Aquatic Organism Disease Control Act, 2021). 기생충성 전염병은 1종으로 자일로다틸루스감염증 (Infection with *Gyrodactylus salaris*)가 있으며, 바이러스성 전염병은 4종으로 전염성연어빈혈증 (Infection with HRP-deleted or HPR0 infectious salmon anaemia virus, ISA), 연어알파바이러스감염병 (Infection with salmonid alphavirus, SAV), 유행성조혈기괴사증 (Infection with epizootic haematopoietic necrosis virus, EHN), 바이러스성출혈성패혈증 (Infection with viral haemorrhagic septicaemia virus, VHS)가 있다 (Aquatic Organism Disease Control Act, 2021). 이들 법정 전염병 이외에도 다양한 질병들이 연어과 어류에게 발생하여 피해를 유발한다. 기생충성 질병으로 백점충 (*Ichthyophthirius multifiliis*), 아메바충 (Amoeba), 킬로도넬라 (*Chilodonella*), 세균성 질병으로 절창병 (Furunculosis, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*), 비브리오병 (*Vibrio* sp.), 활주세균병 (*Flavobacterium psychrophilum*), 세균성 아가미 질병 (bacterial gill disease, *Flavobacterium branchiophilum*), 세균성신장병 (Bacterial kidney disease, *Renibacterium salmoninarum*), 바이러스성 질병으로는 전염성조혈기괴사증 (Infection with infectious haematopoietic necrosis virus, IHN), 전염성췌장괴사증 (Infectious pancreatic necrosis, IPN), 산천어바이러스병 (*Oncorhynchus masou* virus disease, OMVD) 등이 있다 (Kim et al., 2012; Kim et al., 2016; Lim et al., 2017; Nilsen et al., 2011; Noble and Summerfelt, 1996; Olsen et al., 2015).

현재 우리나라의 연어과 어류 주요 양식 어종은 무지개송어 (*Oncorhynchus mykiss*), 은연어 (*Oncorhynchus kisutch*) 등이 있으며 그 중 무지개송어가

2021년 기준 2,438톤이 생산되어 가장 많은 비율을 차지하고 있다 (KOSIS, 2021). 지역적으로 살펴보면, 강원도가 전체 무지개송어 양식 생산량의 약 53%를 차지하고 있으며 일부 무지개송어 양식장에서는 은연어도 같이 양식하고 있다. 또한, 최근 국내에서는 대서양연어 수요 증가 등으로 연어 양식 산업을 강화하기 위하여 대서양연어 양식 시장을 본격화하고 있으며 국내에서 상업적으로 양식하지 않았던 품종의 발안란을 국내로 수입하여 양성 및 양식할 계획이다. 이처럼 해외 수산생물을 국내에 이식할 때에는 수산생물전염병 검사를 실시하여 해외 전염병의 국내 유입을 사전에 차단해야 한다. 하지만, 국내에서 양식하지 않았던 새로운 어종이 국내 양식환경에서 사육될 경우, 숙주 및 환경 요인 등으로 국내에서 발생하는 질병의 병원체가 새로운 어종에 전파 및 감염시킬 수 있는 가능성이 있다. 질병 모니터링은 질병 및 역학 정보를 파악하여 질병 발생 예방 및 확산 방지 대책 수립에 매우 중요한 자료로 사용된다 (Hwang et al., 2019). 따라서 현재 국내에서 양식하고 있는 연어과 어류에 대한 지속적인 질병 감시 (surveillance)로 질병 발생 현황을 파악하고 이에 따른 관리가 필요하다.

본 연구에서는 2021년 강원도의 양식 무지개송어 및 은연어에 대하여 법정전염병으로 지정되지 않은 기생충성, 세균성, 바이러스성 질병 (IHN, IPN, OMVD)의 검출 여부를 조사하고 분리된 세균의 유전자의 계통발생학적 분석 및 검출된 바이러스의 상동성 조사를 통하여 유전학적 특성 분석을 실시하였다.

재료 및 방법

시료

강원도 소재 은연어 및 무지개송어 양식장 (양양군 1개소, 평창군 2개소, 정선군 2개소, 영월군 2개소) 에서 질병 모니터링 검사 시료 (은연어 23마리, 무지개송어 340마리)를 채취하였다. 채취한 연어과 어류의 체표 및 내부 장기를 관찰하여 임상증상을 확인하고 현미경으로 임상증상 부위, 아가미, 체표에서 기생충 검사를 실시하였다. 임상증상이

있는 부위, 신장, 비장을 적출하여 BHIA 배지에 도말하고 15°C에서 24-48시간 배양 후 순수분리하여 세균 DNA 추출 및 PCR에 사용하였다. 바이러스 검사를 위하여 신장, 비장을 적출하여 3~5마리씩 pooling 하였으며, 분석 전 까지 -80°C에 보관하였다. 각 양식장은 1년에 2회 시료 채집을 실시하였다. 감염율은 각 양식장 별 채집한 총 마릿수 중 각각의 타겟 병원체가 검출된 마릿수의 비율로 나타내었다(Table 2).

세균 DNA 추출 및 PCR

임상증상이 있는 부위, 신장, 비장에서 분리된 세균은 High Pure PCR Template Preparation Kit (Roche, Germany)를 이용하여 제조사의 protocol에 따라 DNA를 추출하였다. 16s rRNA, DNA gyrase B subunit (*gyrB*), virulence array protein (*vap*) 유전자를 증폭하기 위하여 Table 1의 primer sets를 이용하여 PCR을 실시하였다. PCR은 AccuPower® PCR PreMix (Bioneer, Korea), forward primer와 reverse primer를 각각 1µM, DEPC treated water 16µL, template 2µL를 혼합하여 총 20 µL이 되도록 하여 수행하였다. PCR 증폭 산물은 1.5% agarose gel 상에서 전기영동하였으며, All in one vector (BioFACT, Korea)에 클로닝하였다. 각 유전자의 계통발생학적 분석을 위하여 Clustal W에서 Multiple alignment 방법으로 염기서열을 정렬하였다. MEGA (ver. 11.0.10) program의 neighbor-joining method를 이용하여 계통수를 작성하였으며, 계통수의 branch는 1,000 bootstrap resampling을 통해 결정하였다.

바이러스 DNA, RNA 추출 및 PCR

적출된 조직은 Patho Gene-spin™ DNA/RNA Extraction Kit (iNtRON Biotechnology, Korea)를 이용하여 제조사의 protocol에 따라 total DNA와 RNA를 분리하고 RNA 바이러스 검사를 위해 iScript™ cDNA Synthesis Kit (Bio-Rad, USA)를 이용하여 cDNA를 합성하였다. 추출한 DNA와 cDNA는 실험 전까지 -80°C에 보관하였다. IHNV, IPNV, OMV에 대하여 PCR을 실시하였으며 세부사항은 Table 1과 같다. PCR 증폭 산물은 1.5% agarose gel 상에서 전기영동하였으며, PCR 양성 산물은 정제 후

ABI 9790 XL DNA Analyzer (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 염기서열을 분석하고 NCBI BLAST search를 통하여 유전학적 상동성을 확인하였다.

결과 및 고찰

Lim et al. (2017; 2021)은 2017년 강원도 양식 연어과 어류에서 *Aeromonas* 균주를 분리한 후, 계통발생학적 분석을 실시하여 세균성 질병을 동정하고 2017년~2018년에 분리한 IHNV의 유전형 및 병원성을 조사하였다. 하지만, 연어과 어류의 질병 발생 동향 및 병원체 분리에 대한 최신 정보는 부족하다. 따라서, 본 연구에서는 2021년 강원도 은연어 및 무지개송어 양식장을 대상으로 기생충, 세균, 바이러스성 질병을 모니터링하여 최신 질병 발생 동향을 조사하였다.

기생충 및 세균성 질병 모니터링

2021년 강원도 소재 은연어 1개소 및 무지개송어 7개소 양식장을 대상으로 기생충, 세균, 바이러스성 질병을 모니터링하였다. 2021년 상반기에는 기생충이 관찰되지 않았지만, 하반기에는 담수 백점충이 평균 B (30.0%)와 정선 A (16.7%) 양식장에서 관찰되었다(Table 2). 하지만, Kim et al.(2012)는 2010년 경북 소재 양식장에서 무지개송어가 질병으로 인한 폐사 원인은 세균 및 바이러스 보다 기생충인 백점충(39.04%)의 비율이 상당히 높게 나타났다. 이러한 결과는 조사 시기 및 지역 차이 등으로 사료된다.

임상증상이 있는 아가미 뚜껑 및 지느러미 피사 부위, 비장에서 분리한 세균의 DNA를 이용하여 PCR 및 염기서열 분석을 실시하였다(Table 2). 상반기 양양 A 양식장의 은연어 아가미 뚜껑 및 체표 피사 부위에서 세균을 분리하여 16s rRNA 염기서열을 분석한 결과, 검사한 총 개체의 26.7% (4/15)에서 *Aeromonas salmonicida*가 확인되었으며 영월 B 양식장의 무지개송어 신장과 비장에서는 총 검사 개체의 20% (6/30)에서 *Aeromonas sobria*가 분리되었다. 하반기에는 양양 은연어 양식장의 지느러미 피사 부위에서 상반기와 동일하게 *A. salmonicida*가 37.5% (3/8) 분리되었으며 영월 A 양식장

Table 1. PCR primers used in this study

Target	Primer	Sequence (5'-3')	Condition	Amplicon size	Reference
16s rRNA	27F	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	50°C 30min, 94°C 2min	1,465	Lane 1991
	1492R	GGTTACCTTGTACGACTT	(94°C 30s, 55°C 45s, 72°C 60s) x40 72°C 7 min		
<i>gyrB</i>	3F	TCCGGCGGTCTGCACGGCGT	94°C 5min	1,100	Yáñez et al. 2003
	14R	TTGTCCGGGTGTACTCGTC	(94°C 30s, 55°C 30s, 72°C 60s) x35 72°C 10 min		
<i>vap</i>	F1	TCAAACGGATAGGTTCAACCC	95°C 5 min	1,565	Lund et al., 2003
	R1	CAGAGTGAATCTACCAGCGGTGC	(95°C 30s, 50°C 30s, 72°C 60s) x30 72°C 7 min		
IHNV	1st	AGAGATCCCTACACCAGAGAC	95°C 2 min	693	Emmenegger et al., 2000
	midG 1R	GGTGGTGTGTTCCGTGCAA	(95°C 30s, 50°C 30s, 72°C 60s) x30 72°C 7 min		
IPNV	2nd	TCACCCCTGCCAGACTCATTGG	95°C 2 min	482	Emmenegger et al., 2000
	midG 2R	ATAGATGGAGCCTTGTGTCAT	(95°C 30s, 50°C 30s, 72°C 60s) x30 72°C 7 min		
IPNV	IPN F	TCACGGAAAATACGACATCCA	95°C 3 min	597	Cho et al., 2013
	IPN R	TGTTGGAAITGACTGGGTGA	(95°C 30s, 55°C 60s, 72°C 60s) x35 72°C 7 min		
IPNV	1st	TGAGATCCATTATGCTTCCAGA	94°C 5 min	1,180	Tapia et al., 2015
	A2R	GACAGGATCATCTTGGCATAGT	(94°C 30s, 58°C 30s, 72°C 90s) x35 72°C 10 min		
IPNV	2nd	CCGCAACTTACTTGAGATCCATTATGC	94°C 5 min	523	Tapia et al., 2015
	AIR	GTCTCGTCTCWAGBCGGACGTATG	(94°C 30s, 60°C 30s, 72°C 45s) x35 72°C 10 min		
IPNV	F	AGAGATCACTGACTTCACAAAGTGAC	95°C 10 min	359	Heppell et al., 1992
	R	TGTGCACCACAGGAAAGATGACTC	(95°C 60s, 52°C 60s, 72°C 60s) x30 72°C 10 min		
OMV	F10	GTACCGAAAACCTCCCGAGTC	94°C 5 min	439	Aso et al., 2001
	R5	AACTTGAACACTACTCCGGGG	(94°C 30s, 56°C 30s, 72°C 30s) x30 72°C 10 min		

Table 2. The results of disease monitoring on Salmonid fish in 2021

Farm	Species	The first half year (April ~May)							The second half year (August~November)								
		Average weight (g)	Number of fish.	Parasite (%)	Bacteria (%)	IHN	IPNV	OMV	Virus (%)	Average weight (g)	Number of fish.	Parasite (%)	Bacteria (%)	IHN	IPNV	OMV	Virus (%)
Yangyang A	Coho salmon	1,452	15	0	<i>A. salmonicida</i> (26.7)	0	0	0	0	1523.5	8	0	<i>A. salmonicida</i> (37.5)	0	0	0	0
Pyeongchang A	Rainbow trout	19.5	50	0	0	100	0	0	403.6	20	0	0	<i>A. sobria</i> (40.0)	0	0	0	0
Pyeongchang B	Rainbow trout	21.4	30	0	0	0	0	0	511.3	30	0	0	<i>A. sobria</i> (23.3)	0	0	0	0
Jeongseon A	Rainbow trout	9.2	20	0	0	0	0	0	455.7	30	0	0	<i>I. multifillis</i> (16.7)	0	0	0	0
Jeongseon B	Rainbow trout	9.3	30	0	0	0	0	0	178.8	30	0	0	0	0	0	0	0
Yeongwol A	Rainbow trout	593.0	20	0	0	0	0	0	738.0	20	0	0	<i>A. salmonicida</i> (20.0)	0	0	0	0
Yeongwol B	Rainbow trout	8.6	30	0	<i>A. sobria</i> (20.0)	0	0	0	113.4	30	0	0	0	0	0	0	0
Total			195							168							

의 무지개송어 지느러미 피사 부위 및 신장에서 *A. salmonicida*가 20.0% (4/20) 분리되었다. 평창 A (30마리 폐사/일, 빈사어 및 생존 개체 분석) 및 평창 B 양식장의 무지개송어 체표 및 비장에서 각각 *A. sobria*가 40.0% (8/20), 23.3% (7/30) 분리되었다. 채집된 조직 시료를 이용하여 PCR법으로 BKD 감염 여부를 조사하였지만 모두 검출되지 않았다.

*Aeromonas*의 계통발생학적 분석

분자생물학적 방법으로 세균 동정 시 16s rRNA 염기서열을 주로 이용한다. 하지만 *Aeromonas*속 세균의 16s rRNA 및 여러 유전자 염기서열은 유전적으로 높은 유사성으로 종 동정 및 계통발생학적 분석에 어려움이 발생하여 DNA gyrase B subunit (*gyrB*) 및 virulence array protein (*vap*) 유전자를 이용하여 세균을 분류하거나 동정하고 있다(Lund et al., 2003; Kim et al., 2011; Lim et al., 2017; Han et al., 2011). 특히 *A. salmonicida* 군주는 다양한 아종(subspecies)이 있어 정확한 세균 동정에 어려움이 발생한다.

본 연구에서도 16s rRNA 염기서열을 분석한 결과 *A. salmonicida*의 상동성이 매우 높은 것을 확인하여 본 연구에서 분리된 *Aeromonas* 군주 중 상반기 양양 A 양식장 은연어에서 분리된 *A. salmonici-*

*da*와 영월 무지개송어 신장에서 분리된 *A. sobria*를 이용하여 유전자 염기서열을 계통발생학적 분석하였다(Fig. 1).

gyrB 유전자는 *A. sobria*는 기존에 보고된 *A. sobria*와 같은 cluster를 형성하였다. 국내에서 분리된 *A. sobria*는 무지개송어에서 병원성이 낮으며 기회성 병원체일 것으로 추정하고 있다(Lim and Hong, 2020). 하지만 환경조건, 상처, 어체의 면역력 약화 등으로 질병이 발생할 수 있으므로 이에 대한 관리가 필요하며 다양한 사육 환경 및 어체 건강 조건에 따른 분리된 군주의 병원성 시험이 필요할 것으로 사료된다. *gyrB* 유전자를 이용한 계통발생학적 분석에서 은연어 유래 *A. salmonicida*는 *A. salmonicida* subsp. *masoucida*, *A. salmonicida* subsp. *achromogenes*, *A. salmonicida* subsp. *salmonicida*와 동일한 cluster를 형성하여 정확한 동정을 할 수 없었다.

vap 유전자 염기서열 정보가 NCBI Genbank에 등록이 되어있지만, *A. salmonicida* subsp. 염기서열 정보가 최초 등록 후 정보를 갱신하지 않거나 일치하지 않는 유전정보는 제외하고 계통발생학적 분석을 실시하였다. 그 결과, *vap* 유전자에서는 *A. salmonicida* 아종별로 구분이 가능하였고 은연어에서 분리된 *A. salmonicida*는 이전에 보고된 *A.*

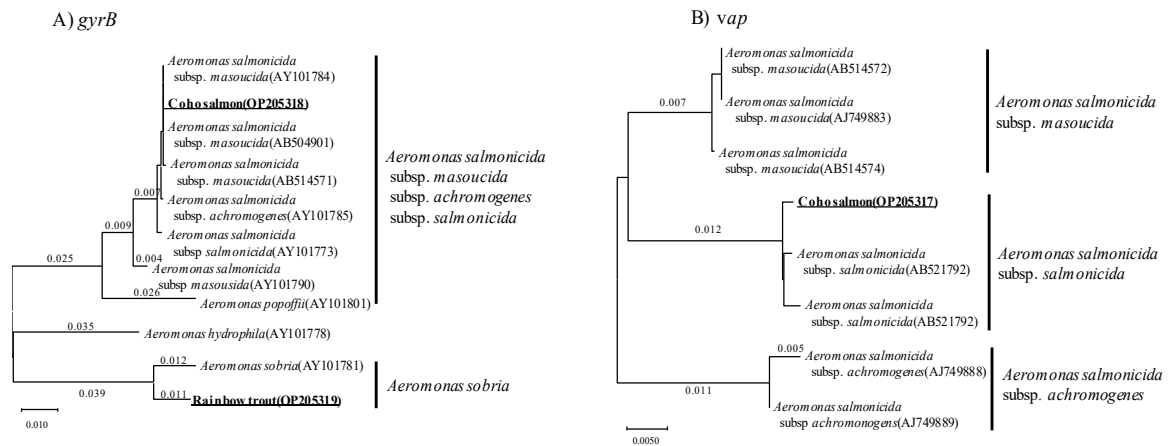


Fig. 1. Phylogenetic analysis of *Aeromonas* species based on the partial nucleotide sequence of *gyrB* (A) and *vap* (B) retrieved from GeneBank. The distinct *Aeromonas* species determined by Neighbour-joining method using Mega (ver 11.0.10) software. The numbers indicate the percentages of bootstrap support from 1000 replicates. *gyrB* : DNA gyrase B, *vap*: virulence array protein

salmonicida subsp. *salmonicida*와 동일한 cluster를 형성하여 *A. salmonicida* subsp. *salmonicida*로 동정하였다. Gulla et al. (2016)은 *vap* 유전자를 이용해 *A. salmonicida* 333균주를 구별하였고, 14개의 cluster 분류에 따른 *A. salmonicida*의 숙주특이성을 보고하였다. 연어과 어류에 절창병을 유발하는 그람 음성세균으로 체표 출혈, 궤양 등의 증상이 나타나고 국내에서 분리된 *A. salmonicida*는 무지개송어에서 폐사율이 높았다(Lim and Hong, 2020). 은연어 아가미 뚜껑 궤양부분에서 *A. salmonicida* subsp. *salmonicida*이 분리된 점을 미루어 볼 때 절창병 발생으로 세균이 분리된 것으로 사료된다. Lim 및 Hong (2020)은 *A. salmonicida*에 대한 formalin killed cell 백신을 개발하여 높은 효능을 검증함에 따라, 향후 백신 상업화 시 절창병에 의한 폐사를 절감할 수 있을 것으로 판단된다.

바이러스성 질병 모니터링

연어과 어류에서 바이러스성 질병은 ISA, SAV, EHN, VHS, IHN, IPN, OMVD 등이 알려져 있다. ISA, SAV, EHN, VHS는 수산생물질병관리법에 의해 수산생물전염병으로 지정되어 관리되고 있으며 현재까지 국내 연어과 어류에 발생했다는 보고가 없다. 특히, ISA는 국내에서 발생하지 않았다는 과학적 근거를 바탕으로 세계동물보건기구(World Organisation for Animal Health)로부터 2020년 청정국으로 지정받았다. 따라서, 본 연구에서는 연어과 어류 양식장 7개소를 대상으로 국내에서 발생하는 바이러스성 질병 3종(IHN, IPN, OMVD)을 모니터링하였다.

IPNV 및 OMV는 검출되지 않았지만, IHNV가 2021년 상반기 평창군 무지개송어 양식장 1개소에서 검출되었다. IHNV는 Rhabdoviridae에 속하는 negative-sense RNA 바이러스로서 무지개송어 및 대서양연어를 포함하는 연어과 어류에 심각한 피해를 유발한다(Garver et al., 2005). Glycoprotein 유전자 염기서열에 따라 IHNV의 유전형은 6개로써 북미의 북부(Upper, U), 중부(Middle, M), 남부(Lower, L) 유럽(European), 아시아 JRt-Shizuoka와 JRt-Nagano 유전형이 알려져 있다(Garver et al., 2003; Kurath et al., 2003). 아시아 유전형 중 JRt-

Shizuoka형이 JRt-Nagano형에 비해 병원성이 강하다고 보고되었지만(Mochizuki et al., 2009, Kim 2010; Kim et al., 2021a; Kim et al., 2021b; Kim et al. 2022), 2017년 국내에서 분리된 저병원성 JRt-Nagano형은 고병원성으로 나타나고 고병원성 JRt-Shizuoka형은 병원성이 없음을 확인함에 따라 기존 연구와 다른 결과가 도출되었다(Lim et al., 2021). 이번 평창에서 검출된 IHNV는 JRt-Nagano형과 상동성이 99%이상 높게 나타났으며 양식장에서 약 9%의 누적폐사를 유발하였다. 유전형과 병원성과의 상관관계에 대해서는 추가 조사 및 분석이 필요할 것으로 사료된다.

IHNV는 치어에 주로 발생하였으나 성어에서도 발생하고 있으며, 국내에서는 1991년에 강원도 평창군에서 최초 발병 후 다양한 지역의 양식 및 자연산 연어과 어류에도 발생하고 IHNV는 국내 연어과 어류 양식장에서 지속적으로 진화하고 있다(Kim et al., 2016). 국내에서는 대서양연어의 수요 증가 등으로 대서양연어의 양식을 본격화함에 따라 국내에서 상업적으로 양식하지 않았던 대서양연어 발안란을 21년 20kg, 22년 8kg을 국내로 수입하여 시험 양식하고 있다. 해외 수산생물의 국내 이식 시, 국내 발생 이력이 없는 병원체(*G. salaris*, ISAV, SAV, EHN)가 유입되어 질병으로 이어져 대량 폐사가 일어날 수 있다. 또한 국내 양식환경에서 새로운 품종이 양식될 경우, 숙주 및 환경 요인 등으로 국내에서 발생하고 있는 질병의 병원체가 새로운 품종에 전파 및 감염시킬 수 있는 가능성이 있다. 즉, 국외에서 발생하지 않았던 국내 상존 세균과 바이러스 유전형이 국내 양식 대서양연어에 질병으로 발생하여 양식 산업에 장애를 유발할 수 있으므로 현재 국내에서 양식하고 있는 연어과 어류에 대한 지속적인 감시와 관리가 필요하다. 따라서 본 연구는 연어과 어류의 질병 감시 및 관리로 성공적인 대서양연어의 양식 산업을 이끄는 데 중요한 정보를 제공할 것이다.

본 연구에서는 강원도 지역에서 주로 양식하고 연어과 어류, 무지개송어 및 은연어를 대상으로 질병 모니터링을 실시하였다. 그 결과 백점증이 확인되었으며, 세균은 *A. sobria*와 *A. salmonicida* subsp. *salmonicida*가 분리되었다. 이전 연어과 어류 질병

모니터링 연구에서 보고된 *A. sobria*와 *A. salmonicida* subsp. *salmonicida*가 연어과 어류에서 지속적으로 분리되고 있었으며 바이러스는 IHNV JRt-Nagano형이 검출되었으나 IPNV 및 OMV는 검출되지 않았다. 향후 본 연구에서 분리한 병원체를 무지개송어 및 은연어에 감염시켜 폐사율 확인하는 병원성 연구가 필요할 것으로 사료된다.

Acknowledgment

이 논문은 국립수산물과학원 수산시험연구사업 (R2022070)으로 수행되었습니다.

References

- Aso, Y., Wani, J., Klenner, D.A.S. and Yoshimizu, M.: Detection and identification of *Oncorhynchus masou* virus (OMV) disease by polymerase chain reaction (PCR). *Bull. Fish. Sci. Hokkaido Univ.*, 52:111-116, 2001.
- Cho, M.Y., Won, K.M., Han, H.J., Kim, H.J., Jee, B.Y., Kim, S.R., Lee, S.J., Kim, J.W. and Park, M.A.: Current Status of Detection of Aquatic Animal Pathogens in Cultured Juveniles for Stock Enhancement from 2009 to 2012. *J. Fish Pathol.*, 26:99-110, 2013.
- Emmenegger, E. J., Meyers, T. R., Burton, T. O. and Kurath, G.: Genetic diversity and epidemiology of infectious hematopoietic necrosis virus in Alaska. *Dis. Aquat. Org.*, 40: 163-176, 2000.
- Garver, K.A., Troyer, R.M. and Kurath, G.: Two distinct phylogenetic clades of infectious hematopoietic necrosis virus overlap within the Columbia River basin. *Dis. Aquat. Org.*, 55:187-203, 2003.
- Garver, K.A., LaPatra, S.E., and Kurath, G.: Efficacy of an infectious hematopoietic necrosis (IHN) virus DNA vaccine in Chinook *Oncorhynchus tshawytscha* and sockeye *O. nerka* salmon. *Dis. Aquat. Org.*, 64, 13-22, 2005.
- Gulla, S., Lund, V., Kristoffersen, A.B., Sørum, H. and Colquhoun, D.J.: vapA (A-layer) typing differentiates *Aeromonas salmonicida* subspecies and identifies a number of previously undescribed subtypes. *J. Fish Dis.*, 39, 329-342, 2016.
- Han, H.J., Kim, D.Y., Kim, W.S., Kim, C.S., Jung S.J., Oh, M.J. and Kim, D.H. Atypical *Aeromonas salmonicida* infection in the black rockfish, *Sebastes schlegelii* Hilgendorf, in Korea. *J. Fish Dis.*, 34:47-55, 2011.
- Heppell, J., Berthiaume, L., Tarrab, E., Lecomte, J. and Arella, M.: Evidence of genomic variations between infectious pancreatic necrosis virus strains determined by restriction fragment profiles. *J. Gen. Virol.*, 73, pp. 2863-2870, 1992.
- Hwang, S.D., Lee, D.W., Chun, W.J., Jeon, H.R., Kim, D.J., Hwang, J.Y., Seo, J.S., Kwon, M.G., Ji, H.S., Kim, J.N. and Jee, B.Y.: Disease monitoring of wild marine fish and crustacea caught from inshore and offshore Korea in 2018. *Korean J. Environ. Biol.*, 37:474-482, 2019.
- Kim, S.S., Kim, K.I., Yoo, H.K., Han, Y.S., Jegal, M.E., Byun, S.G., Lim, H.J., Park, J.S. and Kim Y.J.: Differential virulence of infectious hematopoietic necrosis virus (IHNV) isolated from salmonid fish in Gangwon Province, Korea. *Fish. Shellfish Immunol.*, 119:490-498, 2021a.
- Kim, H.J.: Phylogenetic analysis of infectious hematopoietic necrosis virus (IHNV) isolated from cultured rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* in Korea. *J. Fish Pathol.*, 23:1-8, 2010.
- Kim, J.W., Lee, H.N., Jee, B.Y., Woo, S.H., Kim, Y.J. and Lee, M.K.: Monitoring of the mortalities in the aquaculture farms of South Korea. *J. Fish Pathol.*, 25:271-277, 2012.
- Kim, J., Cho, M., Kim, K., Min, E., Lim, J. and Hong S.: Transcriptome profiling in head kidney of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) after infection with the low-virulent Nagano genotype of infectious hematopoietic necrosis virus. *Arch. Virol.*, 166:1057-1070, 2021b.
- Kim, J., Cho M., Lim J., Choi, H. and Hong, S.: Pathogenic mechanism of a highly virulent infectious hematopoietic necrosis virus in head kidney of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) analyzed by RNA-Seq transcriptome profiling. *Viruses* 14:859, 2022.
- Kim, K.I., Cha, S.J., Lee, C., Baek, H.R., Hwang, S.D., Cho, M.Y., Jee, B.Y. and Park, M.A.: Genetic relatedness of infectious hematopoietic necrosis virus (IHNV) from cultured salmonids in Korea. *Arch. Virol.* 161:2305-2310, 2016.
- Kim, Y.S., Yoon, J.W., Han, H.J., Suebsing R. and Kim, J.H: Prevalence and Characterization of Typical *Aeromonas salmonicida* Chum Salmon Isolates in Korea. *Fisheries and Aquatic Sciences*, 14:347-354, 2011.
- Kurath, G., Garver, K.A., Troyer, R.M., Emmenegger, E.J., Einer-Jensen, K. and Anderson, E.D.: Phyloge-

- ography of infectious hematopoietic necrosis virus in North America. *J. Gen. Virol.*, 84: 803-814, 2003.
- Lane, D.J. 16S/23S rRNA sequencing. In: Stackebrandt E, Goodfellow M, editors. *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. New York: Wiley. pp. 115-175, 1991.
- Lim, J. Go, E., and Hong S.; Phylogenetic classification and pathogenicity analysis of IHNV isolated from salmonids in Gangwon-do. *J. Fish Pathol.*, 34:123-131, 2021.
- Lim, J. and Hong, S.; Characterization of *Aeromonas salmonicida* and *A. sobria* isolated from cultured salmonid fish in Korea and development of a vaccine against furunculosis. *J Fish Dis.*, 43:609-620, 2020.
- Lim, J., Koo, B., Kim, K.I., Jeong, H.D. and Hong, S.; Genetic identification of *Aeromonas* species using a housekeeping gene, *rpoD*, in cultured salmonid fishes in Gangwon-Do. *J. Fish Pathol.*, 30:79-88, 2017.
- Noble, A.C. and Summerfelt, S.T.: Diseases encountered in rainbow trout cultured in recirculating systems. *Annual Review of Fish Diseases*, 6:65-92, 1996.
- Lund, V., Espelid, S. and Mikkelsen, H.: Vaccine efficacy in spotted wolffish *Anarhichas minor*: relationship to molecular variation in A-layer protein of atypical *Aeromonas salmonicida*. *Dis. Aquat. Org.*, 56:31-42, 2003.
- Mochizuki, M., Kim, H.J., Kasai, H., Nishizawa, T. and Yoshimizu, M.: Virulence change of infectious hematopoietic necrosis against rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* with viral molecular evolution. *Fish Pathol.*, 44:159-165, 2009.
- Nilsen, H., Olsen, A.B., Vaagnes, O., Hellberg, H., Botolfesen, K., Skjelstad, H. and Colquhoun D.J.: Systemic *Flavobacterium psychrophilum* infection in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum), farmed in fresh and brackish water in Norway. *J Fish Dis*, 34:403-408, 2011.
- Olsen, A.B., Hjortaas, M., Tengs, T., Hellberg, H. and Johansen, R.: First Description of a New Disease in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss* (Walbaum)) Similar to Heart and Skeletal Muscle Inflammation (HSMI) and Detection of a Gene Sequence Related to Piscine Orthoreovirus (PRV). *PLoS One*, 10:e0131638, 2015.
- Tapia, D., Eissler, Y., Torres, P., Jorquera, E., Espinoza J.C. and Kuznar J.: Detection and phylogenetic analysis of infectious pancreatic necrosis virus in Chile. *Dis. Aquat. Organ.*, 116:173-184, 2015.
- Yáñez, M.A., Catalán, V., Apráiz, D., Figueras, M.J. and Martínez-Murcia, A.J.: Phylogenetic analysis of members of the genus *Aeromonas* based on *gyrB* gene sequences. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 53: 875-883, 2003.
- Aquatic Organism Disease Control Act, 2021
KOSIS(Korean statistical information service) <https://kosis.kr/index/index.do>

Manuscript Received : Aug 12, 2022

Revised : Sep 08, 2022

Accepted : Oct 24, 2022