

부산지역 다중이용시설에서 분리한 레지오넬라균의 병원성 유전자 특성 연구, 2020-2022

I 연구목적 및 필요성

- 전세계적으로 레지오넬라증은 산발 혹은 집단으로 발생하고 있으며 지속적으로 증가하는 경향을 보이고 있음. 이에 대한 위험성 예측은 공중보건상 중요함.
- 자연 및 환경 수계시스템에서 광범위하게 존재하고 있는 레지오넬라균이 실제로 인체 감염이 가능한지가 중요하므로 1차적으로는 환경검체에서 분리한 레지오넬라균에서 병원성을 암호화하는 유전자가 존재하는지 확인이 필요함. 이에 부산지역의 다중이용시설의 수계시스템에서 분리한 레지오넬라균의 균주 동정을 실시하고 병원성유전자를 파악하여 병원성 인자에 대한 자료를 마련하고자 함.

II 연구개요

- 기 간 : 2022. 1. ~ 2022. 12.(1년)
- 대 상 : 다중이용시설의 수계시설에서 분리된 레지오넬라균
- 항 목 - 다중이용시설의 환경수계에서 레지오넬라균 분리(배양)
 - 분리균주 혈청형 확인(*Legionella latex test*) 및 동정(*ropB gene sequencing*)
 - 병원성 유전자(*dot/icm, lvh, rtxA*) 확인 및 특성 조사

III 연구결과

- 2020년에서 2022년 동안 분리한 레지오넬라균 660주(2020년 205주, 2021년 237주, 2022년 218주) 중 *L. pneumophila*가 전체의 80.8%(533/660)를 차지하였고, non-*L. pneumophila* species는 19.2% (127/660)였음.
- *L. pneumophila*의 *Legionella latex test* 결과, 대부분이 *L. pneumophilla* sg 2-14였음. (*L. pneumophilla* sg 1 196주, *L. pneumophilla* sg 2-14 337주)
- non-*L. pneumophila* species의 균 동정 결과, *L. anisa* (57주)가 가장 많았음
- *L. pneumophila*의 경우, 병원성 유전자 *dot/icm, lvh, rtxA*가 모두 분리된 균주는 52.1% (278/533)였고, 대부분의 균주 (97.6%)가 1개 이상의 병원성 유전자를 지니고 있었음
- Non-*L. pneumophila* species의 경우, 89.9%(114/127)의 균주가 병원성유전자를 지니지 않았음

IV 향후추진계획

- 레지오넬라균 오염도 확인을 위한 지속적인 모니터링 실시
- 레지오넬라균 임상분리주와 환경분리주의 병원성 유전자 비교.분석 연구

V 활용계획

- 레지오넬라증 발생 시, 감염원의 추적 및 감염경로 규명으로 레지오넬라증 발생 예방 등 방역 대책수립 자료 제공