

# 유통 생굴의 노로바이러스 오염 실태 조사 및 유전자형 분석

박혜영\*, 김진아, 박소현, 정은정, 윤호철

식중독검사팀

## Survey of Norovirus Contamination in Marketed Raw Oysters and Genetic Typing

Park Hye-Young\*.Kim Jin-A.Park So-Hyun.Jeong Eun-Jung and Ho-cheol Yun

*Foodborne Diseases Inspection Team*

### Abstract

Pacific oyster(*Crassostrea gigas*) is a highly nutritious seafood rich in protein, minerals, and omega-3 fatty acids, and is widely consumed raw during winter in Korea. Due to its filter-feeding characteristics, oysters can bioaccumulate microorganisms and viruses from seawater, making stringent hygiene and safety management essential. Norovirus, a non-enveloped RNA virus capable of long-term survival in cold and saline environments, is recognized as a major etiological agent of foodborne infections associated with the consumption of raw oysters. Despite continuous reports of norovirus outbreaks linked to oysters in Korea, comparative data on the actual contamination status and genotypic characteristics of raw oysters according to different distribution channels remain limited. In this study, a total of 63 raw oyster samples were collected from three distribution categories, comprising 22 samples from traditional markets, 21 from large-scale supermarkets, and 20 from online purchases. Real-time RT-PCR analysis for norovirus contamination revealed 12 positive samples from traditional markets, 2 from large-scale supermarkets, and 1 from online purchases, corresponding to an overall positivity rate of 23.8%. For genotypic distribution analysis, conventional semi-nested PCR detected distinct bands in 1 online sample and 4 traditional market samples, which were subsequently subjected to nucleotide sequencing. Sequence analysis identified five norovirus genotypes—GI.2, GI.3, GII.3, GII.17, and GII.21—among the positive samples, providing fundamental data to support strengthened hazard control during oyster distribution and to inform the development of preventive policies against norovirus foodborne outbreaks associated with oyster consumption.

**Key words** : Norovirus, Raw oyster, Foodborne, Genotypes, Nucleotide sequencing

## I. 서론

굴(*Crassostrea gigas*)은 우리나라 뿐만 아니라 전 세계적으로 널리 양식·소비되는 대표적인 패류로, 고단백·저지방 식품으로서 양질의 필수아미노산을 공급할 뿐만 아니라 불포화지방산, 아연·철·칼슘 등 다양한 영양 성분을 함유하고 있어 영양학적 가치가 높은 식품으로 평가된다. 이러한 영양생리활성 특성은 항산화·항염증·면역조절 등 인체 건강에 다양한 긍정적인 영향을 미치는 것으로 보고되고 있으며, 이로 인해 굴은 우리나라 겨울철 국민 건강 증진에 기여하는 수산식품일 뿐 아니라 기능성 식품 원료로서의 잠재력도 주목받고 있다<sup>1)</sup>.

한편, 굴은 여과섭식(filter-feeding) 과정을 통해 서식 환경의 미생물 및 바이러스를 체내에 농축하는 특성을 지닌다. 분변에 오염된 하수나 강우·하천수 유입 등 외부 오염원이 양식 해역으로 유입 될 경우 노로바이러스와 같은 장내 바이러스가 굴에 축적되어, 이를 생식하는 소비자에게 감염을 일으킬 수 있는 위험이 증가한다<sup>2)</sup>. 특히 굴은 가열조리 과정 없이 생식되는 경우가 많아 조리 과정에서 병원체가 불활화될 기회가 제한적이므로, 생산·유통 전 과정에서의 미생물학적 위해요소 관리가 식품 안전 확보에 필수적이다.

이러한 위험 요인 가운데 노로바이러스(norovirus)는 특히 주목해야 하는 병원체이다. 노로바이러스는 전 세계적으로 연간 20만명 사망 및 전 세계 685백만명 감염을 유발하는 비포낭성 장내 바이러스로서<sup>3)</sup> 급성 위장염(acute gastroenteritis)의 주요 원인 병원체로, 극히 적은 양의 바이러스 입자만으로도 감염이 가능하다<sup>4)</sup>. 특히, 노로바이러스는 비외피성 단일가닥 RNA 바이러스로 환경 저항성이 높고 저온 및 해수 환경에서도 장기간 생존할 수 있어 겨울철 수산물, 특히 생굴 섭취와 연관된 식중독 발생 위험을 크게 증가시키는 것으로 알려져 있다<sup>5,6)</sup>. 이로 인한 입원과 의료비 증가, 노동력 손실 등은 각국 보건 의료 체계와 사회경제에 상당한 부담을 초래하고 있어, 공중보건학적 측면에서 노로바이러스 관리의 중요성이 지속적으로 강조되고 있다<sup>2,7)</sup>.

국내에서도 노로바이러스는 대표적인 수인성·식품매개 감염병 병원체로, 학교·어린이집 등 집단급식시설 및 생식용 패류 섭취와 연관된 집단 발병 사례가 지속적으로 보고되고 있다<sup>8,9)</sup>. 분자역학 연구에 따르면 우리나라에서 유행하는 노로바이러스 유전자형

(genotype)은 시기별로 변동을 보이면서도 GII.2, GII.4, GII.17 등 다양한 유전자형이 동시 유행하고 있으며, 식품과 물, 사람 간 접촉 등 복합적인 경로를 통해 전파되는 양상을 보인다<sup>10)</sup>. 또한 식품의약품안전처 및 식품안전정보원에서 제공하는 식중독 통계 자료에서도 노로바이러스는 매년 주요 원인 병원체로 반복 확인되고 있어, 지속적인 감시와 유전자형 분석을 통한 분자역학적 특성 파악이 요구된다<sup>11)</sup>.

최근, 수산물 유통 구조가 재래시장, 대형마트, 온라인 플랫폼 등으로 다변화되고 있으며, 코로나19 유행 이후 비대면 소비 확산으로 온라인을 통한 신선·냉장 수산물의 공급 및 수요가 급증함에 따라, 유통 단계에서의 위생·안전 관리 필요성이 대두되고 있다. 유통 경로에 따른 보관 온도, 포장 방식, 유통 기간, 취급 위생 수준 등의 차이는 노로바이러스와 같은 장내 바이러스의 생존 및 오염 수준에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 실제로, 최근 미국에서 수입된 한국 통영산 굴에서 고농도의 노로바이러스가 검출되어 대규모 리콜 사태가 발생하였으며, 이는 유통 과정에서의 오염 관리가 미흡할 경우 국가 간 식중독 위험을 초래할 수 있음을 보여준다. 그러나 국내 연구는 주로 특정 양식장 또는 산지 중심의 오염 조사에 국한되어 있어, 소비자가 실제 접하는 다양한 유통 경로별 생굴의 노로바이러스 오염 특성을 체계적으로 비교·분석한 연구는 부족한 실정이다<sup>12,13)</sup>.

이에 본 연구는 재래시장, 대형마트 및 온라인 구매라는 세 가지 주요 유통 경로별로 수집된 생굴에 대해 노로바이러스 오염도를 Real time RT-PCR로 확인하고, 염기서열 분석을 통해 검출된 노로바이러스의 유전자형을 분류함으로써 국내 시판 생굴의 노로바이러스 유전자형 분포 및 유통 경로별 오염 특성을 규명하고자 하였으며, 이를 굴 유통 단계에서의 위생 관리 및 노로바이러스 식중독 예방 정책 수립을 위한 기초 자료로 제공하고자 한다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 연구대상

본 연구에 사용된 시료는 겨울철에 소비가 많은 생굴을 대상으로 하였으며, 2025년 1월부터 3월까지 재래시장, 대형마트 및 온라인 유통망을 통해 구매한 제품을 실험에 이용하였다. 또한, 2024년 12월부터

2025년 2월까지 관내에서 발생한 식중독 검체 및 식품의약품안전처의 2025년 식품안전관리지침에 따른 겨울철 다소비 수산물 수거 검사 과정에서 의뢰된 생굴 시료도 추가로 분석에 포함하였다(Table 1). 재래시장 및 대형마트에서 구매한 생굴은 아이스팩을 이용하여 냉장 상태로 신속히 실험실로 이송한 후, 실험실 도착 즉시 실험 절차를 수행하였으며, 바로 실험에 들어갈 수 없는 경우는 -20 °C 냉동 상태로 실험 직전까지 보관하였고, 온라인 구매 생굴의 경우 냉장 배송 상태로 온 시료를 실험에 용이하게 소분하여 실험 직전까지 다른 시료들과 동일하게 -20 °C 냉동고에 보관하였다.

VN111, VN121, Korea)로 추출하여 Real-time RT-PCR을 수행하기 위한 template로 사용하였으며, 추출한 RNA는 사용할 때까지 -70°C에 보관하였다.

### 3. 노로바이러스 유전자 검출 (Real-time RT-PCR 및 Conventional RT-PCR)

검체에서 노로바이러스 양성 여부를 확인하기 위해, PowerChek™ Foodborne Norovirus GI/GII Real-time PCR Kit (Kogene Biotech, MFV-NG, Korea)를 사용하여 Duplex Real-time RT-PCR을 수행하였다. Duplex Real-time RT-PCR 조건은 제조사

Table 1. Classification of Samples Collected in This Study

Sampling method	Sampling site	No. of samples	Total by site
Foodborne accident	Traditional Markets	2	
	Large-scale Supermarkets	1	
	online purchase	-	
Winter-season High-Consumption Seafood Distribution Surveillance	Traditional Markets	-	Traditional Markets (22)
	Large-scale Supermarkets	4	Large-scale Supermarkets (21)
	online purchase	6	Online purchase (20)
self-collected samples	Traditional Markets	20	
	Large-scale Supermarkets	16	
	online purchase	14	
<b>Total</b>		<b>63</b>	

## 2. 검체 전처리 및 노로바이러스 RNA 추출

모든 실험은 식품의약품안전처의 식품공전 미생물 시험법 및 동 기관 식중독 원인조사 시험법을 참고하여 진행하였다<sup>14)</sup>. 멸균된 핀셋과 멸균된 가위를 이용하여 증장선 3 g을 분리한 뒤, 50 mL의 멸균 Cornical tube에 모았다. 여기에 200 mL의 멸균증류수에 Proteinase K (30 U/mg, Sigma-aldrich, USA) 60 mg을 넣고 녹여서 만든 용액 3 mL을 첨가하고 호모게나이저를 사용하여 시료를 완전히 균질화한 뒤, 37 °C 진탕배양기에서 320 rpm, 60 min 동안 반응시켰다. Proteinase K의 불활성화를 위해, 60 ± 2.0 °C의 항온수조에서 15 min 동안 추가로 반응시키고, 4,000 G에서 5 min 동안 원심분리를 한 후 이 상등액 1.5 mL을 한 번 더 4,000 G에서 2 min간 원심분리한 최종 상등액을 RNA 추출에 사용하였다. RNA 추출은 자동핵산추출장비(Genolution, Nextractor NX-48, Korea)를 이용, 해당 추출 키트(Genolution, VN101,

실험 조건에 따라 실시하였으며(Table 2.), Real-time PCR system(7500 Fast, Applied Biosystems, USA)을 이용하여 증폭 산물을 실시간으로 검출하였다. Real-time RT-PCR 반응 종료 후, Fluorophore가 FAM으로 증폭 곡선이 확인되는 경우 노로바이러스 유전자그룹 GI(genogroup GI), JOE로 증폭 곡선이 확인되는 경우 노로바이러스 유전자그룹 GII(genogroup GII)로 검출되었다고 판단하였다. 노로바이러스 유전자그룹 각각의 유전자형(genotype)을 확인하기 위해, 유전자증폭장치(ProFlex, Applied Biosystems, USA)를 이용하여 Conventional Reverse transcription-PCR을 실시하였으며, 유전자형에 따라 primer를 달리하여 semi-nested PCR 방법으로 수행하였다. 1차로 One-step RT-PCR을 실시하고, PCR 양성대조군은 식품의약품안전평가원에서 분양받은 노로바이러스와 로타바이러스 유전자를 조합하여 합성한 RNA(GI, GII)를 사용하였으며, 1차 증폭 산물을 이용하여 2차로 Semi-nested PCR을 실시하였다.

해당 증폭 조건은 Table 3에 나타내었다. 또한, Conventional RT-PCR에 사용한 Primer SET는 Table 4와 같으며, PCR 결과는 자동전기영동장치 (QIAxcel Advenced, QIAgen, USA)로 확인하였다.

#### 4. 노로바이러스 유전자형 확인 및 상동도 분석

Conventional RT-PCR을 통해 목적으로 하는 증폭 산물이 확인된 경우, 검출된 노로바이러스의 유전자형을 확인하기 위해, 식품의약품안전처 통합식품안전정보망의 펄스넷을 통해 식품 중 노로바이러스 염기서열 분석을 의뢰하였으며, NCBI의 BLAST

(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 및 네덜란드 국립 공중보건·환경연구원인 RIVM에서 제공하는 Norovirus Genotyping Tool Version 2.0 (<https://mpf.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>)을 이용하여 유전자형(genotype)을 결정하였다. 또한, Genebank 및 미국 CDC에서 제공하는 Calicivirus typing tool에서 기존에 보고된 VP1 기반의 노로바이러스 분리주들과 함께 상동성을 비교하였다. Clustal W로 노로바이러스 염기서열들을 alignment한 뒤, MEGA 12 software (V.12.1.0)의 Neighbor-joining Method를 이용하여 1,000번의 반

Table 2. Duplex Real-Time RT-PCR conditions for detection of Norovirus

Duplex Real-Time RT-PCR Step	Temp.(°C)	Time	Cycle
cDNA synthesis	45	30 min	1
Pre-Denaturation	95	10 min	1
Denaturation	95	15 sec	45
annealing/Extention	56	1 min	

Table 3. Conventional RT-PCR conditions for detection of Norovirus genotypes

One-step RT-PCR Step	Temp.(°C)	Time	Cycle	Semi-nested RT-PCR Step	Temp.(°C)	Time	Cycle
cDNA synthesis	45	30 min	1	Initial denaturation	94	5 min	1
Initial denaturation	94	5 min	1	Cycling Stage	94	30 sec	25
Cycling Stage	94	30 sec	35		55	30 sec	
	72	1.5 min			72	1.5 min	
	Elongation	72			7 min	1	
Storage	4	-	-	Storage	4	-	-

Table 4. Primers used for Conventional semi-nested PCR of the Norovirus genotypes detection

Genogroup	Primer	Step	Primer Sequence (5' to 3')	Size
Norovirus GI	<i>GI-F1M</i> <i>GI-R1M</i>	One step	(F) <i>CTG CCC GAA TTY GTA AAT GAT GAT</i> (R) <i>CCA ACC CAR CCA TTR TAC ATY TG</i>	-
	<i>GI-F2-U</i> <i>GI-R1M</i>	semi-nested	(F) <i>AAT ACG ACT CAC TAT AGA TGA TGA TGG CGT</i> <i>CTA AGG ACG C</i> (R) <i>CCA ACC CAR CCA TTR TAC ATY TG</i>	-
Norovirus GII	<i>GII-F1M</i> <i>GII-R1M</i>	One step	(F) <i>GCG AGG GCG ATC GCA ATC T</i> (R) <i>CCR CCI GCA TRI CCR TTR TAC AT</i>	330 bp
	<i>GII-F3M</i> <i>GII-R1M-U</i>	semi-nested	(F) <i>TTG TGA ATG AAG ATG GCG TCG ART</i> (R) <i>GCG GAT AAC AAT TTC ACA CAG GCC RCC IGC</i> <i>ATR ICC RTT RTA CAT</i>	332 bp

복 분석을 통해 확률적으로 가장 가능성이 높은 계통수를 나타내도록 설정하였으며, 근연관계는 Kimura 2-parameter method로 bootstrap 1,000 회 리샘플링 방법을 사용하여 분석하였다.

5. 통계적 분석

통계분석은 R 통계 소프트웨어(R version 4.5.2)를 이용하여 수행하였다. 유통 채널별 노로바이러스 검출률의 차이는 Pearson의 카이제곱 검정(Pearson's chi-square test)을 통해 평가하였으며, 모든 통계검정은 양측검정(two-sided test)으로 실시하였다. p 값이 0.05 미만인 경우를 통계적으로 유의한 것으로 판단하였다.

Ⅲ. 결과 및 고찰

1. 유통 경로별 노로바이러스 오염 현황

본 연구에서 실시간 RT-PCR 분석 결과, 총 63개의 생굴 시료 중 15개(23.8%)에서 노로바이러스가 검출되었다(Table 5). 유통 경로에 따른 검출률은, 재래시장에서 수집한 22개 시료 중 12개(54.5%)가 양성으로 확인되어 가장 높은 오염도를 보였으며, 대형마트 시료 21개 중 2개(9.5%), 온라인 구매 시료 20개 중 1개(5.0%) 순으로 나타났다(Fig. 1). 이러한 차이는 통계적으로 유의미하였으며( $p < 0.05$ ), 이는 이탈리아 Apulia 지역의 연구(Terio et al., 2010)에서 노천시장(17.6%)과 생선가게(16.2%)가 하이퍼마켓(8.1%)보다 높은 검출률을 보인 결과와 유사하게 나타났다<sup>15)</sup>.

2. 유통 경로별 노로바이러스 오염에 대한 위험 평가

유통 경로별 노로바이러스 검출률은 유통 경로별로 각각의 고유한 위험 특성을 나타내는 것으로 판단된다. 재래시장은 평균 오염도 및 검출률이 가장 높은 고위험 경로(54.5%)로, 해역 오염과 판매 장소의 위생관

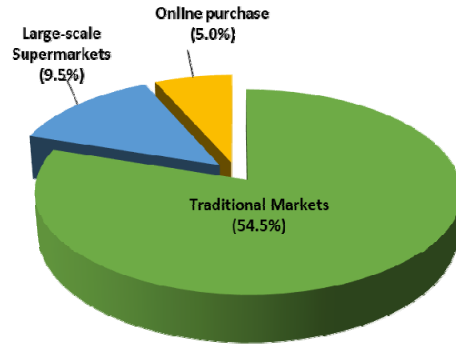


Fig 1. Norovirus Detection Rates by Distribution channel.

리 수준 차이가 직접 반영된다. 대형마트는 공급망 관리로 평균 위험도는 낮으나(9.5%), 전국적 로트 단위 유통 특성상 다중 해역 오염 발생 시 광범위한 파급 위험을 내포한다. 온라인 구매는 이력 추적 용이성과 냉장 배송 시스템을 기반으로 검출률이 상대적으로 낮게 유지되지만(5.0%), 비대면 전국 배송으로 인해 대규모 발생 잠재력이 존재한다. 이는 생굴의 유통 경로별로 노로바이러스 위해 특성 차이를 보여주며, 향후 유통 경로별 위생 관리 기준 및 감시 전략 수립 시, 채널 특이적 위험 요인을 고려한 정책 설계가 필요할 것으로 사료된다.

3. 유통 생굴에서의 노로바이러스 유전형군(Genogroup) 분포

총 63건의 검체를 분석한 결과, 노로바이러스는 15건(23.8%)에서 검출되었으며 48건(76.2%)에서는 검출되지 않았다. 노로바이러스가 검출된 15건의 유전형군 분포를 분석한 결과, Genogroup GI 단독 검출 사례는 확인되지 않았고, Genogroup GII 단독 검출이 9건(14.3%), GI와 GII의 혼합 검출이 6건(9.5%)으로 나타났다(Fig. 2). 이는 국내에서 Moon 등이 수행한 소매 굴 조사(GI 12.2%, GII 1.9%)에서 GI 유전자형 검출이

Table 5. Norovirus Detection rates and numbers by Distribution Channel

Distribution channel	No. of Samples	No. of detected samples	Detection rates (%)
Traditional Markets	22	12	54.5
Large-scale Supermarkets	21	2	9.5
Online purchase	20	1	5.0
<b>Total</b>	<b>63</b>	<b>15</b>	<b>23.8</b>

더 우세했다는 결과와는 다른 결과가 확인되었다<sup>12)</sup>. 이는 생굴의 여과섭식 특성상 장소별, 시기별, 계절별에 따른 환경적 차이에 따라 상이한 결과가 나온 것으로 판단된다.

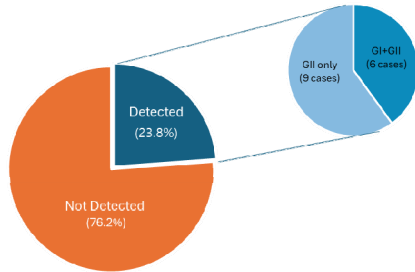


Fig 2. Distribution of norovirus genogroup detected in samples.

#### 4. 노로바이러스 계통학적 분석 및 상동도

노로바이러스 유전자군이 확인된 15건의 시료에 대해

VP1 Capsid 유전자를 표적으로 하는 conventional RT-PCR을 수행한 결과, 재래시장 검체 4건, 온라인 플랫폼 검체 1건에서 증폭 산물이 확인되었다(Table 6). 이를 Norovirus genotyping tool 및 Calicivirus typing tool을 이용하여 분석한 결과, 전체 63개 시료 중 5건(7.9%)에서 유전자형이 확인되었다. 확인된 유전자형은 GI genogroup에서는 GI.2, GI.3 2종, GII genogroup에서는 GII.3, GII.17, GII.21 3종이었다. 특히 GII.3은 3건(BS-25-3, BS-25-13, BS-25-16), GII.17은 2건(BS-25-16, BS-25-24)에서 검출되어 우세 유전자형으로 확인되었다. 유전자형이 결정된 5개의 시료에 대해 NoroNet Database의 참조주를 이용하여 MEGA 12 (V.12.1.0)로 계통수를 작성하여 이들의 근연관계를 확인하였고, 이는 Fig. 3, 및 Fig. 4와 같다.

Table 6. Genotype results of Novirus in Raw Oysters

Sample ID	Distribution channel*	Real-time RT-PCR	Ct value		Conventional PCR	Genotype
			GI	GII		
BS-25-1	Online	-	-	-	-	-
BS-25-2	Online	-	-	-	-	-
BS-25-3	Online	+	-	38.5	+	GII.3
BS-25-4	Online	-	-	-	-	-
BS-25-5	Online	-	-	-	-	-
BS-25-6	Online	-	-	-	-	-
BS-25-7	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-8	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-9	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-10	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-11	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-12	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-13	Traditional	+	38.8	35.7	+	GI.3 / GII.3, GII.21
BS-25-14	Traditional	+	-	38.9	-	non typeable
BS-25-15	Traditional	+	-	43.0	-	non typeable
BS-25-16	Traditional	+	38.5	37.4	+	GI.2 / GII.17
BS-25-17	Traditional	+	-	36.9	-	non typeable
BS-25-18	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-19	Traditional	+	-	36.9	-	non typeable
BS-25-20	Traditional	-	-	-	-	-

Sample ID	Distribution channel*	Real-time RT-PCR	Ct value		Conventional PCR	Genotype
			GI	GII		
BS-25-21	Traditional	+	39.5	37.0	-	non typeable
BS-25-22	Traditional	-	-	-	-	-
<b>BS-25-23</b>	<b>Traditional</b>	<b>+</b>	<b>39.3</b>	<b>36.9</b>	<b>+</b>	<b>GII.3</b>
<b>BS-25-24</b>	<b>Traditional</b>	<b>+</b>	<b>36.9</b>	<b>34.0</b>	<b>+</b>	<b>GII.17</b>
BS-25-25	Traditional	+	40.2	34.8	-	non typeable
BS-25-26	Traditional	+	-	39.1	-	non typeable
BS-25-27	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-28	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-29	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-30	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-31	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-32	Traditional	-	-	-	-	-
BS-25-33	Traditional	+	-	38.9	-	non typeable
BS-25-34	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-35	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-36	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-37	Supermarkets	+	-	39.6	-	non typeable
BS-25-38	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-39	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-40	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-41	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-42	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-43	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-44	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-45	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-46	Supermarkets	+	-	40.0	-	non typeable
BS-25-47	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-48	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-49	Supermarkets	-	-	-	-	-
BS-25-50	Online	-	-	-	-	-
BS-25-51	Online	-	-	-	-	-
BS-25-52	Online	-	-	-	-	-
BS-25-53	Online	-	-	-	-	-
BS-25-54	Online	-	-	-	-	-
BS-25-55	Online	-	-	-	-	-
BS-25-56	Online	-	-	-	-	-
BS-25-57	Online	-	-	-	-	-
BS-25-58	Online	-	-	-	-	-
BS-25-59	Online	-	-	-	-	-
BS-25-60	Online	-	-	-	-	-
BS-25-61	Online	-	-	-	-	-
BS-25-62	Online	-	-	-	-	-
BS-25-63	Online	-	-	-	-	-
<b>Total</b>	<b>63</b>	<b>15</b>	<b>6</b>	<b>15</b>	<b>5</b>	

\*Traditional Markets : Traditional, Large-scale Supermarkets : Supermarkets, Online purchase : Online  
 - : not detected, + : detected

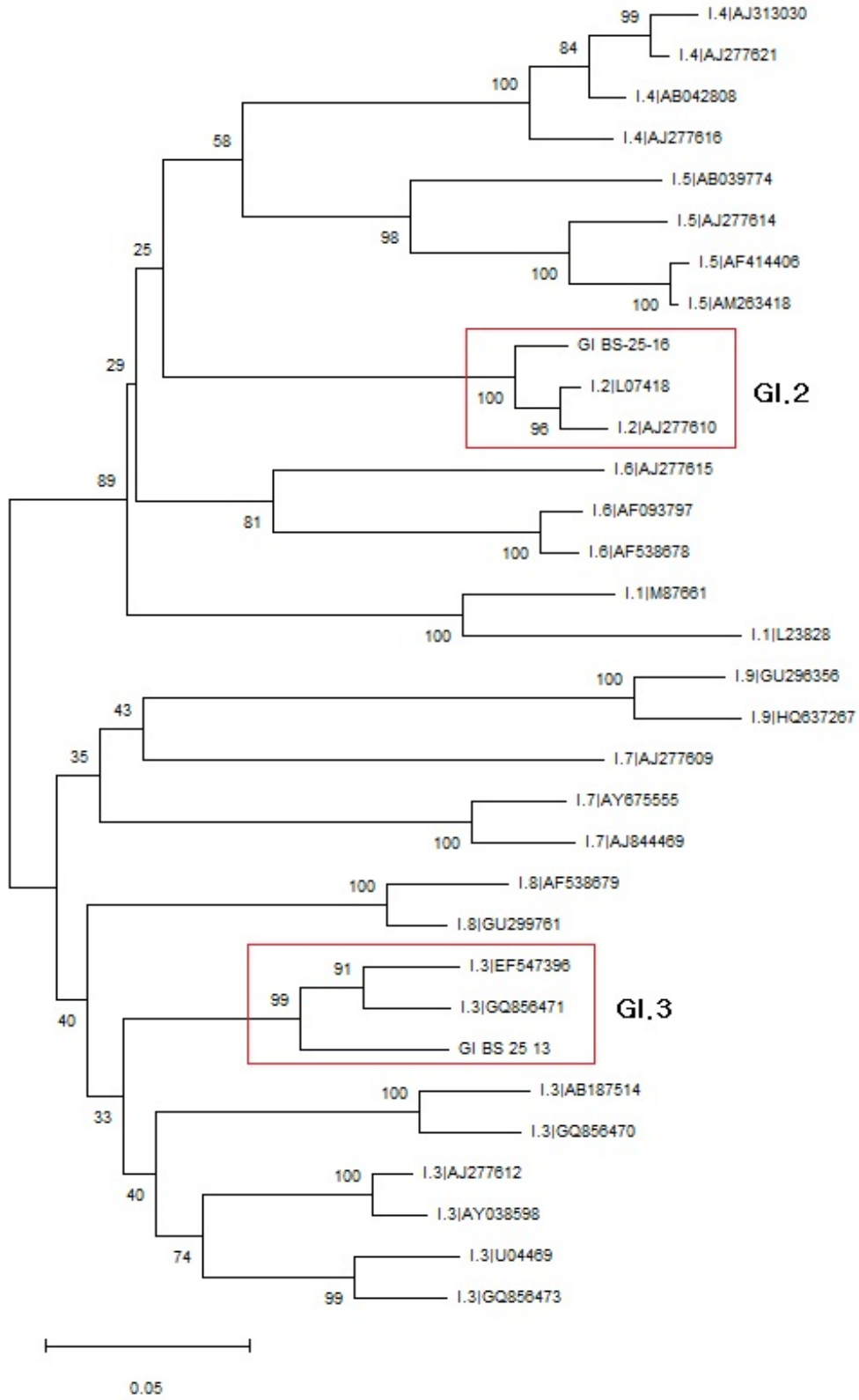


Fig 3. Phylogenetic analysis of the Norovirus GI based on the VP1 region.

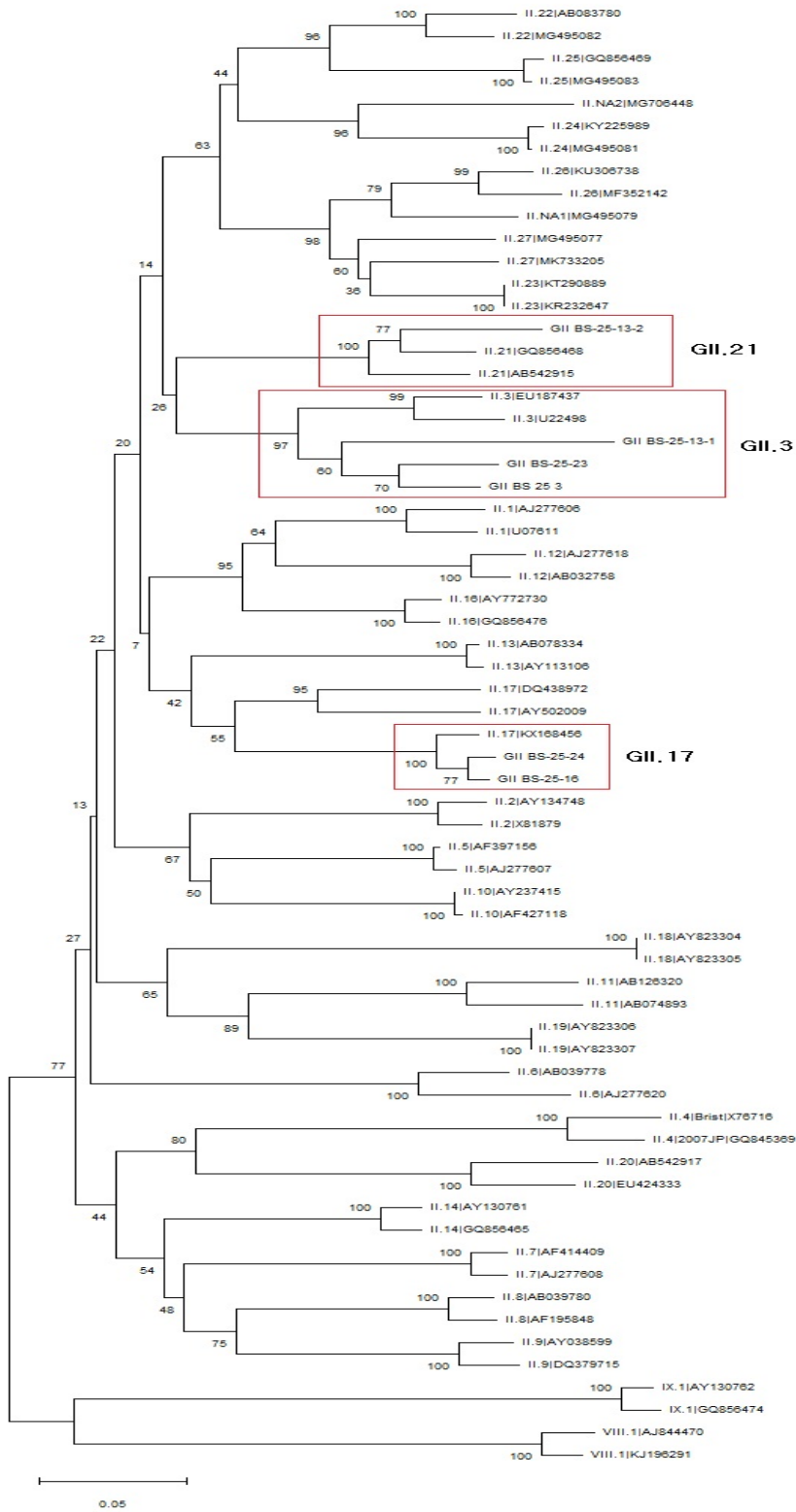


Fig 4. Phylogenetic analysis of the Norovirus GII based on the VP1 region.

또한, 유전자형이 확인된 염기서열을 GenBank 및 CDC Calicivirus typing tool에 등록된 VP1 기반 참조주들과 비교 분석하였다. GI.2로 분류된 BS-25-16 검체는 영국, 미국, 벨기에 참조주와 높은 상동성을 보였으며, GI.3로 분류된 BS-25-13 검체는 1996년 일본 주와 높은 상동성(>95%)을 나타냈다(Fig. 5).

GI.3(BS-25-3, -13, -23)은 계통수에서 기존 GI.3 참조주와 별도의 클러스터를 형성하여 변이 가능성을 나타냈으며, GI.17(BS-25-16, -24)은 한국 하천 분리주 및 일본·홍콩 아시아 유행주와 높은 상동성을 보였다. GI.21(BS-25-13)은 일본, 중국, 미국 참조주와 전반적으로 높은 상동성을 나타냈다(Fig. 6).

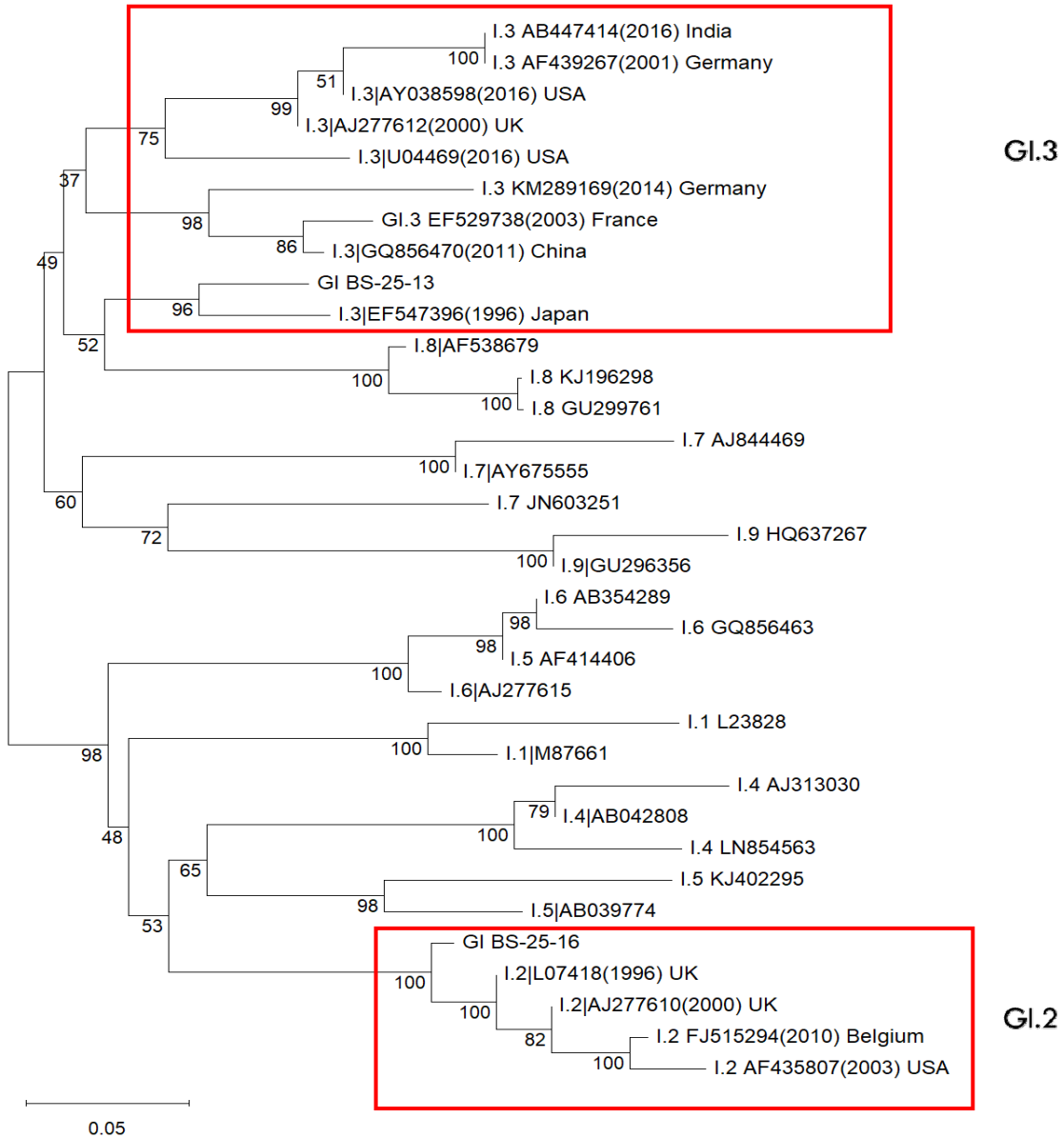


Fig 5. GI genogroup phylogenetic tree with reference strains.

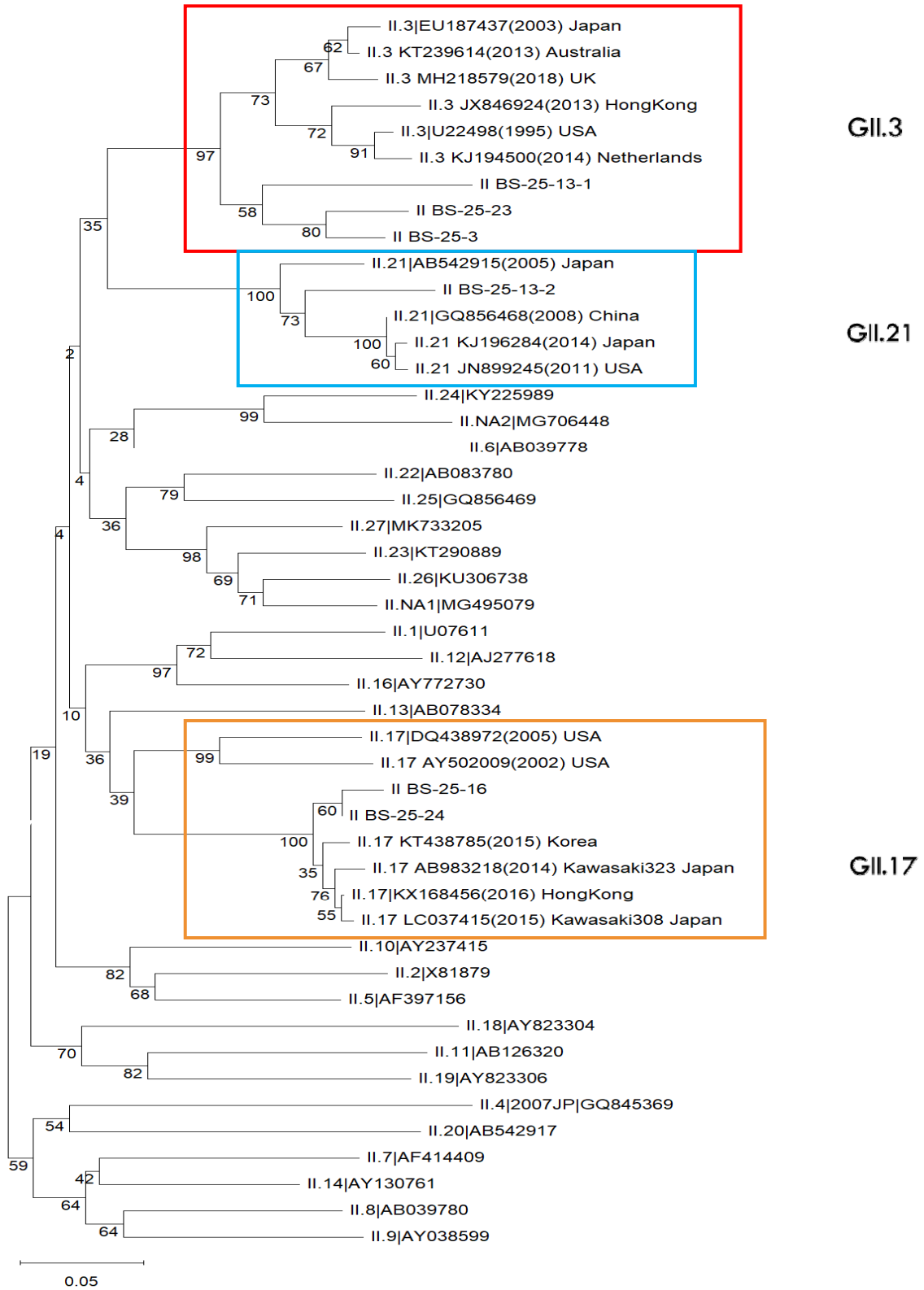


Fig 6. GII genogroup phylogenetic tree with reference strains.

### 5. 유통 생굴의 노로바이러스의 감염 유형

본 연구에서 조사한 유통 생굴 시료의 노로바이러스 감염 유형을 분석한 결과(Table 7), 단일 감염은 온라인 구매 시료 1건(BS-25-3)에서 GII.3, 재래시장 시료 2건(BS-25-23, BS-25-24)에서 각각 GII.3 및 GII.17이 확인되었다. 한편, 유전자형이 검출된 시료 중 40%에서 혼합 감염이 관찰되었으며, 특히 재래시장 시료에서 BS-25-13(GI.3 + GII.3 + GII.21, 3중 감염)과 BS-25-16(GI.2 + GII.17, 2중 감염)이 확인되었다. 이러한 다중 유전자형 동시 검출은 굴 양식 해수 내 다중 오염원 존재를 시사하며, 국내외 여러 연구사례에서도 확인할 수 있었다<sup>16,17,18</sup>. 특히 재래시장에서 확인된 GII.3, GII.17 우세 및 혼합 감염 패턴은 최근 국내 패류 모니터링 결과와 유사하였다.<sup>16,19,20</sup>

미국 CaliciNet 감시 자료에 따르면, 2022에서 2025년 동안 노로바이러스 집단발생에서 전통 우세 유전자형이던 GII.4의 비중은 감소한 반면, GII.17이 2024년에서 2025년 전체 집단발생의 약 75%를 차지하며 새로운 우세 유전자형으로 부상한 것으로 보고되었다<sup>21</sup>. 따라서 노로바이러스 유전자형의 동적 변화에 대응하기 위해서는 지속적인 감시와 유전자형 데이터 축적이 필수적이다.

굴은 생물학적 특성상 여과섭식을 통해 해수 유입 오염수로부터 노로바이러스 뿐만 아니라 다양한 병원성 물질을 축적할 수 있다. 이러한 특성으로 인해 국내외적으로 생굴과 같은 패류에 의해 유발되는 식품매개질 환에 대한 공중보건학적 대책 마련이 요구되고 있다<sup>2,7</sup>.

노로바이러스는 굴을 포함한 식품 등에서 RT-qPCR을 통해 genome copies를 정량화할 수 있으나, 이렇게 측정된 genome copy 수가 반드시 감염 가능한 입자수를 그대로 반영하지는 않는다고 보고된 바 있다<sup>22,23</sup>. 이는 분변에 오염된 환경 중에는 비감염성 입자나 손상된 RNA가 포함될 수 있고, 굴 조직 내에서는 부분적으로 분해된 바이러스 등이 함께 검출되어 실제

감염 가능성에 비해 과대 추정될 수 있기 때문이다. 또한, Ct값이 35 이상과 같이 높은 경우, 노로바이러스 유전자가 검출되더라도 실제 감염 위험과의 연관성이 낮을 수 있다는 보고도 있다<sup>24</sup>.

따라서 노로바이러스에 대한 Real-time RT-PCR 및 Conventional nested RT-PCR을 통한 정성·정량 분석 결과만으로는 생산지 및 굴에 대한 관리 기준을 설정하기에는 한계가 있다. 그러므로 생산지에서는 굴 양식장 인근의 하수나 강우와 같은 유입수 등에 대한 오염 예방과 지속적인 모니터링을 통한 관리가 우선적으로 필요하다.

본 연구에서 확인된 생굴 유래 노로바이러스 유전자형 분석 결과는 오염원 규명과 유행 패턴 분석을 위한 기초 자료로 활용될 수 있으며, 향후 데이터의 지속적인 축적은 지역별·계절별 유전자형 변동성을 파악하는 데 기여할 것이다. 나아가, 이와 같은 체계적인 유전자형 감시(genotyping surveillance)는 복수 오염원의 역학적 추적, PCR 프라이머 설계 및 최적화 등 생굴의 안전성 확보를 위한 방역과 관리 전략 수립에 과학적 근거를 제공할 수 있다. 따라서 국내 생굴 유통 과정에서 중·장기적인 노로바이러스 유전자형 모니터링 체계를 구축하는 것이 필요하며, 이는 공중보건 및 식품안전 분야에서 필수적인 감시 시스템으로 중요한 역할을 할 것이라 사료된다.

또한, 본 연구에서는 대형마트와 온라인 판매의 경우 콜드체인 시스템 및 공급망 관리를 통해 유통 과정 중의 바이러스나 세균 등 미생물의 증식을 억제함으로써 재래시장에 비해 노로바이러스 검출률이 낮게 나타난 것으로 해석된다. 반면, 재래시장은 개방된 진열 방식과 비표준화된 세척·보관 과정이 바이러스 생존에 기여하여 상대적으로 높은 검출률을 보였을 가능성이 크다. 따라서 재래시장에서는 진열 및 세척·보관 환경 개선과 더불어 이력 추적 시스템을 도입 하여 일상적 노출 위험을 관리할 필요가 있으며, 대형마트와 온라인 판매의 경우에는 로트 단위 추적성 확보와 신속한 회

Table 7. Norovirus genotypes identified from positive samples

Sample ID	Distribution Channel	GI Genotype	GII Genotype	Infection Type
BS-25-3	Online purchase	-	GII.3	Single
BS-25-13	Traditional market	GI.3	GII.3, GII.21	Triple
BS-25-16	Traditional market	GI.2	GII.17	Dual
BS-25-23	Traditional market	-	GII.3	Single
BS-25-24	Traditional market	-	GII.17	Single

수 체계 구축을 통해 대규모 파급 위험을 관리하는 접근이 요구된다. 다만, 본 연구는 유통 채널별 노로바이러스 오염도 및 유전자형 분포를 탐색적으로 평가한 조사 연구의 성격을 가지므로, 통계적 유의성을 보다 신뢰성 있게 확보하기에는 검체 수가 제한적이라는 한계가 있다. 향후 각 유통 채널별로 최소 30 건( $n \geq 30$ ) 이상의 검체를 포함한 추가 연구가 수행된다면, 유통 채널 간 오염도 차이와 유전자형 분포에 대한 보다 신뢰도 높은 비교·분석이 가능할 것으로 판단된다.

본 연구는 우리나라 겨울철 다소비 수산물인 생굴을 대상으로, 다양한 유통 및 소비 경로에 따른 노로바이러스 오염도를 조사하고 검출된 노로바이러스의 유전자형을 분류함으로써 유통·소비 경로별로 차별화된 관리가 필요함을 제시하였다. 이러한 결과는 향후 패류를 포함한 수산물의 식품 위생 안전 관리 및 관련 정책 수립을 위한 중요한 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

## V. 요약

본 연구에서는 겨울철 다소비 수산물인 생굴을 대상으로 유통 및 소비 과정에 따라 시료를 세 가지 경로로 구분해서 수집하여, 겨울철 주요 식품매개질환의 원인체인 노로바이러스의 오염 실태조사를 하고, 유전자형 분석을 특성을 파악해보고자 하였다.

1. 2025년 1월부터 3월까지 재래시장, 대형마트 및 온라인 유통망을 통해 구매한 생굴과 2024년 12월부터 2025년 2월까지 관내에서 발생한 식중독 검체 및 겨울철 다소비 수산물 수거 검사 과정에서 의뢰된 생굴을 대상으로 총 63 건에 대한 노로바이러스 오염도 실태조사 및 유전자형에 대한 분석을 실시하였다.
2. 노로바이러스 검출 결과를 Real-time RT-PCR로 확인한 결과, 분석 대상 총 63건의 시료 중 15건이 검출되어 23.8%의 양성률을 나타냈다. 유통 경로별 노로바이러스 검출률을 비교한 결과, 재래시장에서 구매한 시료 22건 중 12건 검출로 가장 높은 검출률(54.5%)을 보였으며, 대형마트에서는 21건 중 2건, 온라인 구매 시료에서는 20건 중 1건이 검출되어 각각 9.5%, 5.0%의 검출률을 보였다. 유전

자군별 검출 현황은 GI genogroup이 6건으로 9.5%의 검출률을, GII genogroup이 15건으로 23.8%의 검출률을 보였다.

3. 노로바이러스 유전자형(Genotype) 양상을 파악하기 위해 Conventional RT-PCR을 통해 증폭산물이 확인된 표적 유전자(target gene)의 염기서열 분석을 진행하였다. 분석 결과, 총 5개의 시료에서 5가지의 유전자형이 결정되었으며, 노로바이러스 GI 유전자군(Genogroup)에서는 2종 (GI.2, GI.3), GII 유전자군에서는 3종 (GII.3, GII.17, GII.21)의 유전자형이 확인되었다. 다중 유전자형 검출의 경우, 굴의 양식 환경이 여러 오염원에 노출되었다는 것을 시사한다.
4. 유통 생굴의 구매 경로별 노로바이러스 오염실태를 분석한 결과, 체계적인 콜드체인(Cold-chain) 시스템과 엄격한 위생 관리 가이드라인을 준수하는 대형마트 및 온라인 유통 제품에 비해, 상대적으로 온도 관리가 미흡하고 오염원에 노출될 가능성이 높은 재래시장에서 판매되는 제품에서 노로바이러스 검출률이 통계적으로 유의미하게 높게 나타났음을 확인하였다. 이는, 굴을 생산하는 생산지의 오염 원으로부터의 예방과 지속적인 모니터링이 필요하며, 유통 경로에 따른 식품 취급 위생 분야 강화가 우선적으로 요구되어야 할 것으로 판단된다.

## 참고 문헌

1. Bertoka Fajar Surya Perwira Negara, Md. Mohibullah, Jae-Hak Sohn, Jin-Soo Kim & Jae-Suk Choi, Nutritional value and potential bioactivities of Pacific oyster *Crassostrea gigas*, *International Journal of Food Science and Technology*, **57**, pp.5732-5749(2022).
2. Yoonjeong Yoo, Hyemin Oh, Yewon Lee, Miseon Sung, Jeongeun Hwang, Ziwei Zhao, Sunho Park, Changsun Choi, Yohan Yoon, Risk assessment for norovirus foodborne illness by raw oyster (Ostreidae) consumption and economic burden in

- Korea. *Fish Aquat Sci.*, **25**(5), pp.287-297 (2022).
3. Natalie Winder, Sara Gohar and Munitta Muthana, Norovirus: An Overview of Virology and Preventative Measures, *Viruses*, **14**, p.2811(2022).
  4. Koopmans M, Bonsdorff CH, Vinje J, Medici D and Monroe S., Foodborne viruses, *FEMS Microbiol* **26**, 187-205, [http://dx.doi.org/doi/10.1111/j. pp.1574-6976\(2002\).](http://dx.doi.org/doi/10.1111/j. pp.1574-6976(2002).)
  5. Xi J, Graham DY, Wang K, Estes MK, Norwalk virus genome cloning and characterization, *Science* **250**, pp.1580-1583, doi: 10.1126/science.2177224(1990).
  6. Yongxin Yu, Hui Cai, Linghao Hu, Rongwei Lei, Yingjie Pan, Shuling Yan, Yongjie Wang, Molecular Epidemiology of Oyster-Related Human Noroviruses and Their Global Genetic Diversity and Temporal-Geographical Distribution from 1983 to 2014. *Appl Environ Microbiol.*, **81**, pp.7615-7624. doi: 10.1128/AEM.01729-15(2015).
  7. Benjamin A Lopman, Sharia M Ahmed, Aron J Hall, Anne E Robinson, Linda Verhoef, Prasanna Premkumar, Umesh D Parashar, Marion Koopmans, Global prevalence of norovirus in cases of gastroenteritis: a systematic review and meta-analysis, *Lancet Infect Dis.*, **14**(8), pp.725-730. doi:10.1016/S1473-3099(14)70767-4(2014).
  8. Jun-Hwan Yu, Na-Yeon Kim, Yeon-Ja Koh and Hun-Jae Lee, Epidemiology of Foodborne Norovirus Outbreak in Incheon, Korea, *J Korean Med Sci.*, **25**, pp.1128-1133 (2010).
  9. H. G. CHO, S. G. LEE, M. Y. LEE, E. S. HUR, J. S. LEE, P. H. PARK, Y. B. PARK, M. H. YOON, AND S. Y. PAIK, An outbreak of norovirus infection associated with fermented oyster consumption in South Korea, 2013, *Epidemiol Infect*, **144**, pp.2759-2764. doi: 10.1017/S0950268816000170(2016).
  10. Won-Jeong Park, Byeong Joon Kim, Doo Won Seo, Yong Chjun Park, Insun Joo, and Soo Hwan Suh, Molecular Epidemiology of Norovirus Outbreaks in Childcare Centers and Schools in South Korea in 2023, *J Microbiol Biotechnol.*, **35**:e2503025, doi: 10.4014/jmb.2503.03025(2025).
  11. 식중독 통계, [https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do? menu\\_no=4425\(2025\).](https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do? menu_no=4425(2025).)
  12. Moon, Ae-Rie, Hwang, In-Gyun, Choi, Weon-Sang, Prevalence of Noroviruses in Oysters in Korea, *Food science and biotechnology*, **20**, pp.1151-1154(2011).
  13. Sang Hyuk Lee, Jae-Won Yun, Ji Hee Lee, Yeon Haw Jung,ong Han Lee, Trends in recent waterborne and foodborne disease outbreaks in South Korea, 2015-2019, *Osong Public Health and Research Perspectives*, **12**, pp.73-79(2021).
  14. 2023 식중독원인조사 시험법, 식품의약품안전처 식품위해평가부 미생물과(2022).
  15. V. Terio, V. Martella, P. Moschidou, P. Di Pinto, G. Tantillo, C. Buonavoglia, Norovirus in retail shellfish, *Food Microbiology*, **27**, pp.29-32(2010).
  16. Eung Seo Koo, Man Su Kim, Yong Seon Choi, Kwon-Sam Park, Yong Seok Jeong, Occurrence of novel GII.17 and GII.21 norovirus variants in the coastal environment of South Korea in 2015, *PLoS ONE* **12**: e0172237, doi:10.1371/journal.pone.0172237(2017).
  17. Tae Seek Lee, Eun Gyoung Oh, Hyeun Duck Yu, Kwang Soo Ha, Hong Sik Yu, Han Seok Byun and Ji Hoe Kim, Impact of Rainfall Events on the Bacteriological Water Quality of the Shellfish Growing Area in Korea, *Kor J Fish Aquat Sci.*, **43**, pp.406-414(2010).
  18. Annika Flint, Jennifer Harlow, Madison McLeod, Madeleine Blondin-Brosseau, Kelly Weedmark, Neda Nasheri, Genomic characterization of noroviruses from an outbreak associated with oysters, Food

- Microbiology, **13**, doi: 10.1128/spectrum.02580-24(2025).
19. Jung Hu Park and Kyu Bong Cho, Genetic Diversity of Foodborne Pathogen Detected in Commercial Shellfish in Metropolitan Area, *Biomedical Science Letters*, **28**(2), pp.83-91(2022).
  20. In Tae Ham, Byeol Ri Kim, Yu Jeong Park, Yeun Joong Jung, Kunbawui Park, Ji Young Kwon, Jong Soo Mok, Hongsik Yu, Detection and phylogenetic analysis of norovirus from individual septic tanks in the drainage basin of the coastal area located in the Jaran bay of Korea, *Fish Aquat Sci.* **24**(1), pp.10-18(2021).
  21. Leslie Barclay, Jan Vinje, Increasing Predominance of Norovirus GII.17 over GII.4, United States, 2022-2025, *Emerg Infect Dis.*, **31**, pp.1471-1473(2025).
  22. Leen Baert, Christiane E. Wobus, Els Van Coillie, Larissa B. Thackray, Johan Debevere, and Mieke Uyttendaele, Detection of Murine Norovirus 1 by Using Plaque Assay, Transfection Assay, and Real-Time Reverse Transcription-PCR before and after Heat Exposure, *APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY*, **74**, pp.543-546(2008).
  23. Daniel Plante, Julio Alexander Bran Barrera, Maude Lord, Jennifer Harlow, Irène Iugovaz, Neda Nasheri, Correlation Between Infectivity and qRT-PCR Values for Murine Norovirus Recovered from Frozen Berries, *Food and Environmental Virology*, **17**, doi: 10.1007/s12560-025-09668-w(2025).
  24. Martin Chi-Wai Chan, Sarah KC Cheung, Kirran N Mohammad, Jenny CM Chan, Mary K Estes, Paul KS Chan, Use of Human Intestinal Enteroids to Detect Human Norovirus Infectivity, *Emerg Infect Dis.*, **25**, pp.1730-1735(2019).