

Research Article

우리나라 야생동물에서 개선총과 연관된 옴진드기 단상체형의 분포 양상

이안나, 이숙진¹, 채승훈¹, 배성근¹, 김홍철¹, 손장익¹, 양정진¹, 이사현¹, 김희중², 정영철², 김봉균³, 오홍식^{4*}, 한상현^{1*}

¹국립공원공단 국립공원야생동물보전원, 영주 36015, 대한민국

²울산시설공단 야생동물팀, 울산 44660, 대한민국

³충남야생동물구조센터, 예산 54531, 대한민국

⁴제주대학교 과학교육학부, 제주 63243, 대한민국

Distribution Patterns of the Haplotypes of *Sarcoptes scabiei* Related to Sarcoptic Mange in Wild Animals in South Korea

Anna Lee¹, Sook-Jin Lee¹, Seung-hoon Chae¹, Seongeun Bae¹, Hong-Cheol Kim¹, Jang-ick Son¹, Jeong-Jin Yang¹, Sa-Hyun Lee¹, Hee-Jong Kim², Young-Chul Jung², Bong Kyun Kim³, Hong-Shik Oh^{4*}, Sang-Hyun Han^{1*}

¹National Park Institute for Wildlife Conservation, Yeongju 36015, Republic of Korea

²Wild Animal Team, Wild Animal Team, Ulsan Infrastructure Corporation, Ulsan 44660, Republic of Korea

³Chungnam Wild Animal Rescue Center, Yesan 32439, Republic of Korea

⁴Faculty of Science Education, Jeju National University, Jeju 63243, Republic of Korea

*Corresponding author: Hong-Shik Oh, Faculty of Science Education, Jeju National University, Jeju 63243, Republic Korea, Tel: +82-64-754-3283, E-mail: sciedu@jejunu.ac.kr

*Corresponding author: Sang-Hyun Han, National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Yeongju 36015, Republic Korea, Tel: +82-54-637-9121, E-mail: hansh04@knps.or.kr

ABSTRACT

The study examined the distribution patterns of the genotypes of the ectoparasite *Sarcoptes scabiei* related to sarcoptic mange in wild animals in South Korea. We obtained mitochondrial *cytochrome c oxidase I (cox-I)* gene sequences from the skin tissues of sarcoptic mange isolated from the infested animals. After combining the newly obtained sequences and those previously reported, a total of forty-three *cox-I* haplotypes (SSC01-SSC43) were identified. Among those, SSC01 has already been recorded in various mammals including raccoon dog, marten and wallaby so far from many countries around the world, but the other three haplotypes SSC06, SSC14 and SSC43 have been newly detected in this study. SSC01 was observed in raccoon dogs, red foxes and a long-tailed goral, and ranged widely from northern to southern provinces in South Korea. Haplotypes SSC14 and SSC43 were found in one raccoon dog from Hongseong-si, Chungcheongnam-do, and one raccoon dog from Dong-gu, Ulsan-si, respectively. The SSC06 was only observed in a long-tailed goral from Yangyang-gun, Gangwon-do. Geographic distribution patterns were habitat-related parasitic infestation rather than host-specific infestation. Our findings showing that sympatric species can be infested by parasites with the same genotype, suggest that interspecific cross-infestation may be possible through interactions between sympatric species within the same habitat.

Keywords: Geographic distribution, Habitat-related infestation, Haplotype, Mitochondrial *cox-I* gene, *Sarcoptes scabiei*

INTRODUCTION

개선충은 동물이나 사람의 피부에 옴진드기(*Sarcoptes scabiei*)가 기생하면서 생기는 인수공통 피부질환으로 초기에는 가벼운 가려움에 따라 긁는 정도이나 발작 및 염증 각화증, 탈모, 습진을 유발하며, 심한 경우 체온 저하로 인해 사망에 이르기도 한다(Pence and Ueckermann, 2002; Fuller, 2013). 전 세계적으로 사람에게서 연간 200만 명 이상 발생하는 것으로 추정되고(Karimkhani et al., 2017; Engelman et al., 2019), 우리나라에서도 2010년 이후 연간 4만 명 이상 감염되는 것으로 보고되었다(Cho, 2011; Kim and Cheong, 2019).

개, 고양이 등 야외에서 활동하는 반려동물, 너구리, 멧돼지, 코알라 등 야생동물, 돼지, 소, 양과 같은 가축 등 전 세계에서 100여 종의 포유동물에서 개선충 발생이 확인되었고(Currier et al., 2011; Escobar et al., 2022; Moroni et al., 2022, 2023), 스페인의 알프스 산양(*Rupicapra pyrenaica parva*), Fennoscandia 지역의 붉은여우(*Vulpes vulpes*), 호주의 wombat(*Lasiorchinus* sp., *Vombatus ursinus*) 등 야생동물 개체군에서는 높은 이환율과 치사율을 나타내기도 하였다(Fernandez-Moran et al., 1997; Pence and Ueckermann et al., 2002). 국내에서도 개, 토끼, 돼지를 비롯한 너구리, 멸종위기종인 산양(*Naemorhedus caudatus*, long-tailed goral)에서도 옴진드기 감염에 의한 개선충 발생 사례들이 보고되었다(Lee and Cho, 1995; Eo et al., 2008; Chun et al., 2009; Choe et al., 2020; Park et al., 2022).

외부 기생충에 대한 분자 유전학적 연구는 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 유전자를 이용한 종 동정과 microsatellite (MS) 마커를 이용한 계통 확인 등을 통해 옴진드기의 지역적, 종별 분포와 유전자형의 차이를 검출하고, 이를 토대로 감염원의 유입 경로와 이종 간 교차 감염, 지역 생태계에서 야생동물들 사이의 상호작용을 판단할 수 있는 근거자료를 제공하고 있다(Walton et al., 2004; Andriantsoanirina et al., 2016; Fraser et al., 2019; Matsuyama et al., 2019; Moroni et al., 2023). 우리나라의 산양에서는 지역-연관 유전자형의 분포 양상을 나타내었으나(Park et al., 2022), 다른 야생동물에서는 유전자형 분포 양상은 보고되지 않았다.

이 연구는 우리나라에서 개선충 감염증이 확인된 야생 포유동물에서 수집한 옴진드기의 mtDNA *cytochrome c oxidase I (cox-I)* 유전자의 단상체형들이 종별, 지역별로 분포하는 양상을 확인하고자 하였다.

MATERIALS AND METHODS

1 분석 시료와 DNA 추출

개선충이 발병한 야생동물 시료는 국립공원공단 국립공원야생생물보전원(National Park Institute for Wildlife Conservation, NPIWC), 충남야생동물구조센터(Chungnam Wild Animal Rescue Center, CWARC), 울산시설관리공단 야생동물팀(Wild Animal Team, Wild Animal Team, Ulsan Infrastructure Corporation, UICWAT) 등에서 제공받았다(Table 1). 발병한 개체의 피부에서 각질부 0.5g을 채취한 후 -20°C 냉동고에서 보관하거나 곧바로 DNA 분리에 이용하였다. DNA 추출은 QIAamp Blood and Tissue Mini Kit (Qiagen, Hilden, Germany)을 이용하였고, 추출한 DNA는 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)을 위한 주형으로 이용하였다.

Table 1. Sample information for *Scarcoptes scabiei* *cox-I* haplotype analysis in South Korea

Specimen	Collection information		Specimen boucher ¹
	Date	Location	
Raccoon dog	Feb. 28. 2024	Boryeong-si, Chungcheongnam-do	CWARC
Raccoon dog	April 18. 2024	Hongseong-gun, Chungcheongnam-do	
Raccoon dog	April 24. 2024	Gongju-si, Chungcheongnam-do	
Raccoon dog	April 29. 2024	Seosan-si, Chungcheongnam-do	
Raccoon dog	April 30. 2024	Cheonan-si, Chungcheongnam-do	
Raccoon dog	May 4. 2024		
Raccoon dog	Feb. 2. 2024	Ulju-gun, Ulsan-si	UICWAT
Raccoon dog	March 25. 2024		
Raccoon dog	April 10. 2024		
Raccoon dog	Jan. 6. 2024	Buk-gu, Ulsan-si	
Raccoon dog	May 1. 2024		
Raccoon dog	March 29. 2024	Dong-gu, Ulsan-si	
Raccoon dog	April 25. 2024		
Raccoon dog	Feb. 8. 2024	Jung-gu, Ulsan-si	
Raccoon dog	May 16. 2024		
Raccoon dog	March 4. 2024	Nam-gu, Ulsan-si	
Raccoon dog	Jan. 31. 2024		
Raccoon dog	March 21. 2023	Gurye-gun, Jeollanam-do	NPIWC
Raccoon dog	March 20. 2024		
Raccoon dog	Nov. 12. 2021	Yeongju-si, Gyeongsangbuk-do	
Raccoon dog	April 4. 2023		
Raccoon dog	Sep. 18. 2023		
Raccoon dog	Feb. 21. 2024		
Raccoon dog	March 21. 2024		
Raccoon dog	April 17. 2022	Sokcho-si, Gangwon-do	
Long-tailed goral	Jan. 22. 2022	Yangyang-gun, Gangwon-do	
Red fox	Sep. 18. 2023	Chuncheon-si and Taebaek-si, Gangwon-do	
Red fox	March 7. 2020	Yeongju-si, Gyeongsangbuk-do	
Red fox	March 8. 2022		

¹, abbreviations are given in the Materials and Methods section.

2 미토콘드리아 DNA *cox-I* 절편의 증폭

수집된 시료의 종 동정을 위해 *cox-I* 유전자를 PCR 증폭하였다. PCR 증폭을 위한 프라이머는 기존에 미국 국립생명공학정보센터 (National Center for Biotechnology Information, NCBI)의 nucleotide database에 보고된 사람(Acc. no. NC_031334)과 돼지(LN874270)의 옴진드기 mtDNA 전체 서열(Mofiz et al., 2016)에서 *cox-I* 유전자의 상동적인 서열을 확인한 후, 848-bp 절편에 해당하는 프라이머 쌍 (*coxI*_849F, 5'-TCC TAT TGG AGG AGG TGA TCC TA-3'; *coxI*_848R, 5'-GTG TGA ATT TCC CTA GGA TAG GAG T-3')을 고안하였다. 1차 PCR 반응에서 증폭산물이 확인되지 않은 시료는 추가로 848-bp 절편 내부에서 고안한 nested PCR 프라이머 쌍(*coxI*-i328F, 5'-TTT TTG GAC ACC CAG AAG TTT-3'; *coxI*-i328R, 5'-AAC ACA AAG CCA ATT GCT CA -3')을 고안하여 328-bp 절편을 증폭하였다. PCR 반응은 *Taq* PCR Master Mix Kit (Qiagen, Hilden, Germany)와 프라이머, 주형 DNA를 혼합하여 20 μ l로 반응하였고, Mastercycler Nexus Gradient (Eppendorf, Germany)에서 증폭하였다. 1차 PCR 반응은 94°C에서 5분간 초기 변성 후, 94°C 45초, 58°C 45초, 72°C 45초로 이어지는 연쇄반응을 35회 수행한 후, 72°C에서 5분간 최종 신장하였고, nested PCR은 94°C에서 3분간 초기 변성 후, 94°C 30초, 58°C 30초, 72°C 30초로 이어지는 연쇄반응을 30회 수행한 후, 72°C에서 5분간 최종 신장하였다. PCR 증폭산물은 1.5% agarose 겔 상에서 전기영동하여 확인하였고, DNA 염기서열 분석에 이용하였다.

3 염기서열 결정 및 계통유연관계 분석

옴진드기 mtDNA *cox-I* 유전자 절편 서열은 PCR 산물을 정제한 후, dye-termination 방식으로 ABI Automated DNA Sequencer 3730XL (Applied Biosystems, Foster City, CA)을 이용하여 결정하였다. 결정된 DNA 염기서열은 NCBI의 nucleotide database에서 BLAST (basic local alignment search tool, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 검색하여 최고 유사 서열을 확인하였다. 유사 서열 검색에서 검출된 옴진드기의 서열들과 중국, 일본, 호주, 미국 등에서 보고된 서열들을 수집하여 CLUSTAL W (Larkin et al., 2007)로 다중 정렬하였다. mtDNA *cox-I*의 단상체형은 DNAsP v6.10.04 (Rozas et al., 2017)을 이용하여 결정하였다. 각각의 단상체형 서열들은 MEGA v7.0.26 (Kumar et al., 2016) 프로그램을 이용하여 Tamura and Nei (1993) 방식으로 유전적 거리지수를 산출하고, 서열 간 거리 지수에 근거한 Neighbor-Joining tree (Saitou and Nei, 1987)를 작성하였다. 계통수 작성 시 서열 입력은 임의적으로 1000회 반복하는 bootstrap을 수행하였고 (Felsenstein, 1985), 진화적 공통조상 분지를 위해 *Psoroptes ovis* (KJ957822), *Myocoptes musculinus* (KT384407)의 *cox-I* 서열을 분석 외군(outgroup)으로 이용하였다.

RESULTS AND DISCUSSION

1 야생 포유동물에서 옴진드기 mtDNA *cox-I* 단상체형

우리나라 야생에서 개선충에 감염된 포유동물 3 종 30 개체에서 새롭게 결정된 옴진드기의 *cox-I* 유전자 서열에 대한 NCBI BLAST 유사도 검색 결과, 기존에 *Sarcoptes scabiei*에서 보고된 서열들과 99.1~100% 일치하였다. 새롭게 얻은 서열들과 기존에 보고된 서열들을 수집하여 전체 95개의 *cox-I* 서열에서 총 43 가지 단상체형(SSC01-SSC43)이 확인되었다(Figure 2). 우리나라 야생 포유동물의 옴진드기 *cox-I* 서열은 4 개의 단상체형(SSC01, SSC06, SSC14, SSC43)으로 구분되었다(Table 2). 너구리에서는 3 개의 단상체형(SSC01, SSC14, SSC43), 붉은여우는 SSC01, 산양은 SSC06만을 나타내었다. SSC01에는 너구리와 붉은여우, SSC06은 산양, SSC14와 SSC43은 너구리에서만 관찰되었다.

SSC01에는 우리나라 철원 산양과 전 세계 여러 나라의 야생 포유동물에서 보고된 바 있다(Walton et al., 2004; Makouloutou et al., 2015; Fraser et al., 2019; Park et al., 2022). 반면, SSC06은 강원도 양양의 산양, SSC014는 충청남도 홍성의 너구리, SSC43은 울산의 너구리에서만 발견되었고, 기존에 보고된 서열 중 동일한 단상체형 서열은 검출되지 않았다(Table 2, Figure 2). 이 결과에서 SSC01은 우리나라를 비롯해 전 세계적으로 다양한 종에서 공통으로 출현하여 숙주 종-특이적인 유전자형이 아니라고 할 수 있다. 하지만, 나머지 3 가지 단상체형(SSC06, SSC14, SSC43)은 너구리와 산양 1 개체에서만 검출된다는 점에서 숙주 종-특이성 여부는 추후 추가적인 시료 확보와 유전자 정보 분석을 통해 검증되어야 할 것이다.

Table 2. Geographic distribution for *Sarcoptes scabiei* *cox-1* haplotypes in South Korea and those around the world

Haplotype ¹	This study		Previous study
	Species	Province of South Korea	Species (Country ²)
SSC01	raccoon dog	Chungcheongnam-do (Boryeong-si, Cheonan-si, Gongju-si, Seosan-si), Jellanam-do (Gurye-gun), Gangwon-do (Chuncheon, Sokcho-si, Taebaek-si), Gyeongsangbuk-do (Yeongju-si), Ulsan-si (Dong-gu, Jung-gu, Nam-gu, Buk-gu, Ulju-gun), Gangwon-do (Cheorwon-gun ³)	Andean fox (CL), dog (US), marten (JP), raccoon dog (JP), serow (JP), pig (AU), wallaby (AU), wombat (AU)
	long-tailed goral		
	red fox	Gyeongsangbuk-do (Yeongju-si)	
SSC06	raccoon dog	Chungcheongnam-do (Hongseong-gun)	not recorded
SSC14	long-tailed goral	Gangwon-do (Yangyang-gun)	not recorded
SSC43	raccoon dog	Ulsan (Dong-gu)	not recorded

¹, a total of four *Sarcoptes scabiei* *cox-1* haplotypes were found in the wild mammals in South Korea.

², abbreviations of countries: AU, Australia; CL, Chile; JP, Japan; US, United States of America.

³, previously reported by Park et al. (2022).

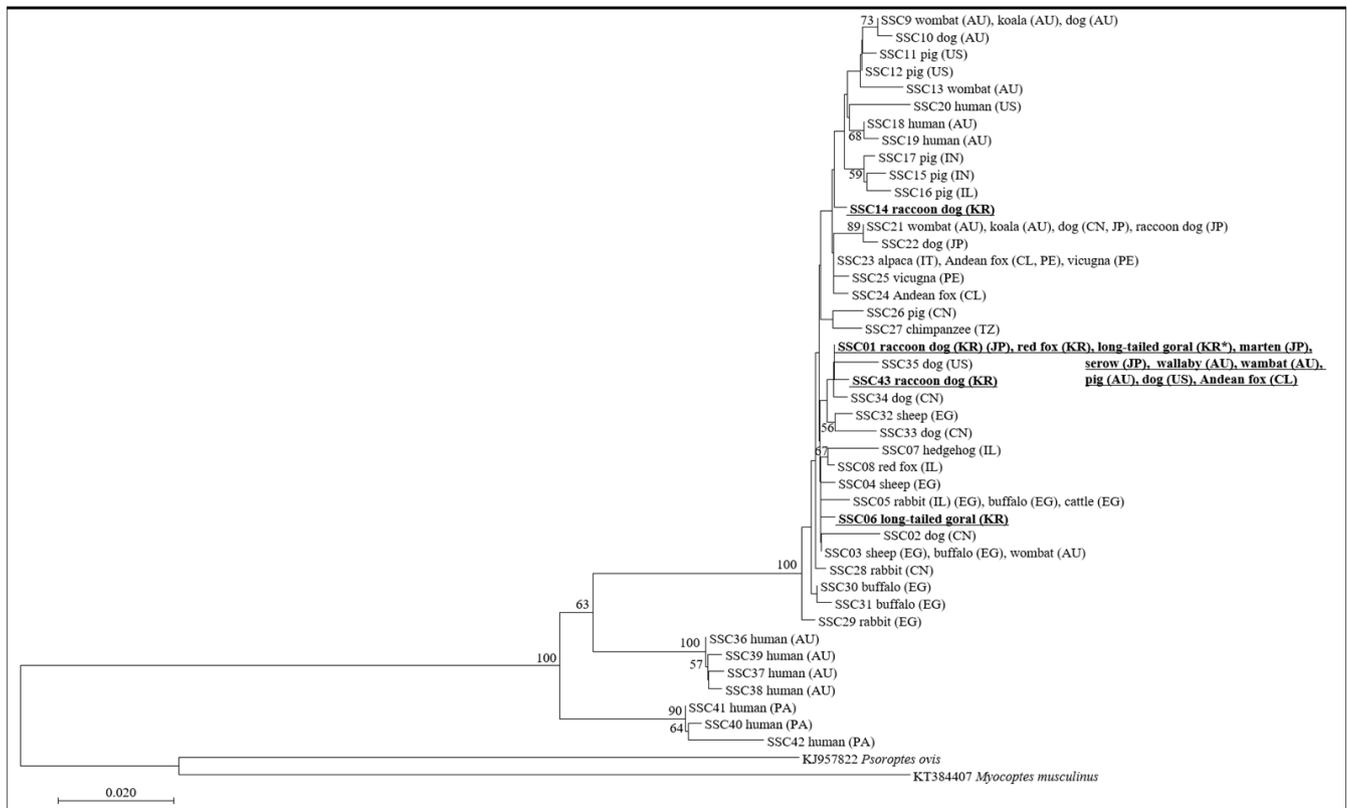


Figure 2. Molecular phylogenetic tree of *Sarcoptes scabiei* *cox-1* haplotypes from newly determined in this study and those previously reported in NCBI nucleotide database. The evolutionary history was inferred using the Neighbor-Joining method (Saitou and Nei, 1987). The optimal tree with the sum of branch length=0.6039 is shown. The percentage of replicate trees in which the associated taxa clustered together in the bootstrap test (100 replicates) are shown next to the branches (Felsenstein, 1985). The evolutionary distances were computed using the Tamura-Nei method (1993). The sequences of *Psoroptes ovis* and *Myocoptes musculus* were used for outgroup rooting. Abbreviations of countries: AU, Australia; CL, Chile; CN, China; EG, Egypt; IL, Israel; IN, India; IT, Italy; JP, Japan; KR, South Korea; PA, Panama; PE, Peru; TZ, Tanzania; US, United States of America. *, cited from Park et al. (2022).

2 지역별 옴진드기 mtDNA *cox-1* 단상체형의 분포

우리나라 야생 포유동물에서 검출된 4 가지 단상체형 중 SSC01은 남부(전라남도 구례군, 울산시)에서 중부(충청남도 공주시, 보령시, 서산시, 천안시, 경상북도 영주시), 북부(강원도 춘천시, 속초시, 태백시, 철원군(Park et al. (2022)))까지 넓은 지역에서 관찰되었으나, SSC06은 강원도 양양군, SSC014는 충청남도 홍성군, SSC43은 울산시에서만 관찰되었다(Table 2). 양양군 산양의 SSC06은 계통수에서 이집트, 이스라엘의 토끼, 소, 버팔로, 중국의 토끼 등과 근연인 관계를 나타내어(Figure 2), Park et al. (2022)의 연구에서 기술된 Ujjin 산양의 *cox-1*과 동일하거나 유사한 *cox-1* 단상체형으로 추정된다. 하지만, 정확한 서열의 일치 여부는 확인되지 않아 추가적인 연구가 필요하다. Zhao et al. (2015)은 옴진드기 단상체형 사이에서 사람과 동물 사이에서의 유전적 분화는 염기변이율 2.6-4.3%의 진화시간을 0.76-0.81 Ma (million years ago)로 예측하였고, 이는 1% 정도의 염기변이율이 약 20만 년 정도의 진화적 분화를 의미한다. 이는 SSC01과 같이 하나의 단상체형이 전 세계 여러 대륙에 걸쳐 분포하는 양상은 옴진드기 유전자형이 개별 지역에서 진화적으로 분화한 것이 아니라, 역사시대 이후 사람들의 급격한 이동이나 숙주인 야생동물들이 전 세계적인 이동, 또는 이들 이 혼합된 형태로 기생충인 옴진드기가 확산된 결과라 하겠다(Fraser et al., 2016, 2017; Martin et al., 2018). 호주에서 사람과 유대류에서 발생하는 옴진드기 단상체형들이 유럽 내부와 외부에서 동일한 서열들이 확인되어, 유럽인들의 호주 이주, 20세기 이후 전 세계인의 이동과 관련되어 있다고 제안하였다(Skerratt et al., 2002; Walton et al., 2004; Fraser et al., 2016, 2017). 반면, SSC01과는 달리 SSC06, SSC14, SSC43과 같이 특정 지역에서만 관찰된 단상체형들은 아마도 지역적인 분화의 결과로도 추정할 수 있으나, 더 많은 사례에서 수집한 유전자 정보를 이용한 세심한 연구들이 수반되어야 할 것이다.

3 옴진드기 mtDNA *cox-1* 단상체형 분포의 특성과 종간 교차 감염 가능성

이번 연구에서 붉은여우는 2012년 이후 국립공원공단에서 멸종위기야생생물 증식복원사업을 위해 중국에서 도입된 개체와 국내에서 증식되어 방사된 3 개체를 포함하고 있다. 3 개체 모두 경상북도 영주시에 방사되었고, 개선총에 감염된 지역은 강원도 춘천시와 경상북도 영주시였고, 단상체형은 SSC01이었다. SSC01은 이번 연구의 너구리, 붉은여우, Park et al. (2002)의 철원 산양에서도 확인되었고(Table 2, Figure 1, 2), 전 세계적으로 너구리, 개, 돼지, 안데스 여우, 왈라비 등 다양한 포유동물에서 보고되었다(Walton et al., 2004; Makouloutou et al., 2015; Zhao et al., 2015; Fraser et al., 2019). 이러한 결과들은 야생동물에서 옴진드기가 숙주-특이적인 감염이 아니라 지역-연관 감염을 나타낼 수 있음을 보여준다. 일본에서도 SSC01이 산양, 너구리, 담비, 일본 산양(*serow*) 등에서 발견되어 종간 교차 감염의 가능성이 제안되었고(Makouloutou et al., 2015; Matsuyama et al., 2019), 특히 일본 산양에서는 개, 너구리, 담비 등 포식자들과의 포식자-먹이 상호작용이 없이도 옴진드기 전파가 가능할 것으로 제안하였다(Matsuyama et al., 2019). 또한 야생동물에서 지역-연관 단상체형의 분포에 대한 다수의 연구결과들(Walton et al., 2004; Andriantsoanirina et al., 2016; Sugiura et al., 2018; Monmi et al., 2023)이 종 사이에서 교차 감염의 가능성을 지지하고 있다. 전 세계적인 종 간 교차 감염 사례들은 개, 소, 말, 토끼 등 가축이나 반려동물뿐만 아니라 가젤, gibbon 등 야생동물과 사람의 교차 감염 형태도 보고되었고(Arlan et al., 1984; Graczyk et al., 2001; Currier et al., 2011; Valldeperes et al., 2021; Moroni et al., 2022), 우리나라에서도 개, 토끼와 사람의 교차 감염이 확인되었다(Kang et al., 1988; Chun et al., 2009; Choe et al., 2020). 유럽에서 너구리는 야생에서 옴진드기의 종간 전파의 중요한 매개체로 간주되고 있으나(Kauhala and Kowalczyk, 2011; Suld et al., 2017), 야생동물이나 반려동물에 대한 옴진드기 감염의 최초 매개체로 사람이 제안되기도 하였다(Fain, 1978; Currier et al., 2011). 이번 연구에서 너구리는 옴진드기 유전자형이 다양하게 나타나고(Table 2), 발견된 단상체 중 SSC01이 붉은여우, 철원 산양(Park et al., 2022)과 일치한다는 점에서 너구리를 옴진드기 교차 감염의 매개체로 볼 수도 있으나, 교차 감염 경로의 역학관계를 설명할 수 있는 추가적인 자료들이 마련되어야 할 것이다. 최근 MS 마커의 대립유전자형을 이용하여 서로 다른 개체에 감염된 옴진드기의 유전적 상관성을 연구한 결과들이 발표되었고(Matsuyama et al., 2015, 2019; Sugiura et al., 2018; Sanno et al., 2021; Moroni et al., 2023), 국내에서도 MS 뿐만 아니라 다양한 핵 DNA 정보를 이용한 연구들이 요구된다고 하겠다.

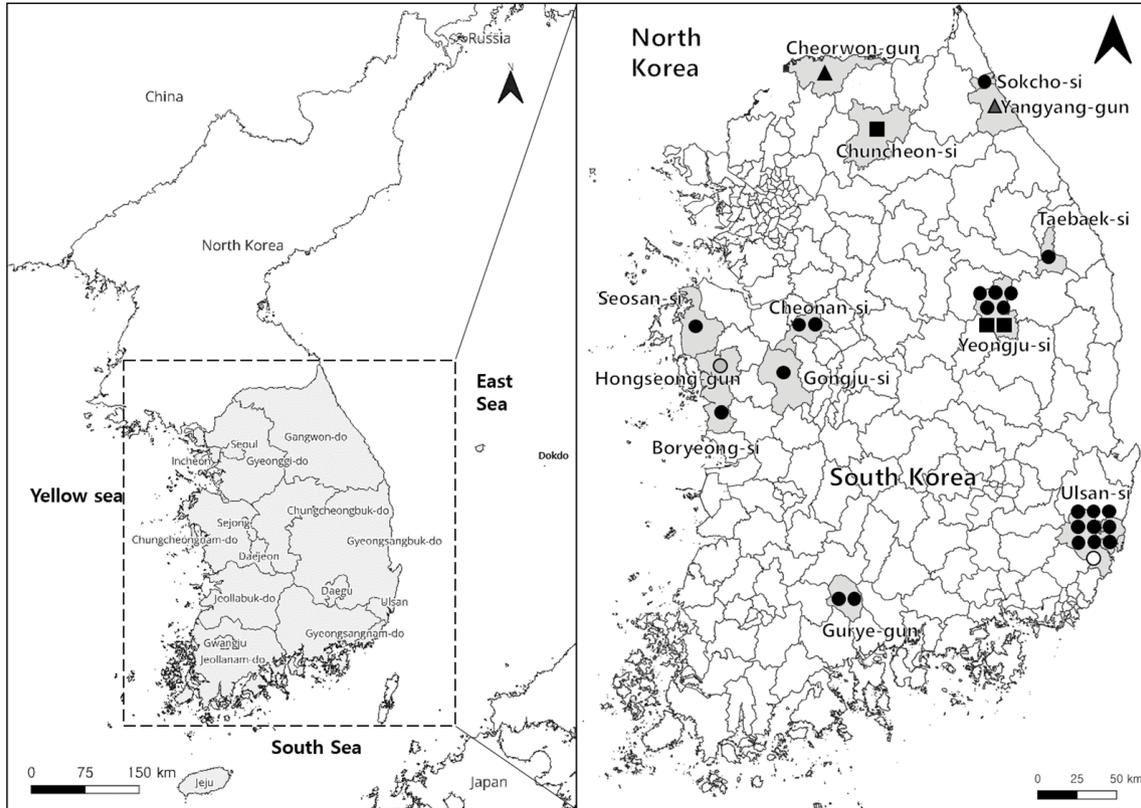


Figure 1. Geographic haplotype distribution of *Sarcoptes scabiei* *cox-I* gene from wild mammals in South Korea. The *Sarcoptes scabiei* *cox-I* sequences of a long-tailed goral from Cheorwon-gun was cited by Park et al. (2022). Circles, raccoon dog; triangles, long-tailed goral; squares, red fox. The black colored symbols indicate SSC01, the dark-gray colored symbol is SSC06, the light-gray colored symbol is SSC43, and the white colored symbol is SSC14. Each geographic location information is given in Table 1.

CONCLUSIONS

이번 연구결과는 우리나라에서 다양한 야생동물에서 옴진드기가 발생하고 있으며, 이들의 유전적으로 종-특이적이기보다는 지역-연관 분포를 나타낸다는 점은 특정 야생동물에서의 개선충 발병에 대한 관심만이 아니라, 야생동물과 서식지 인근 주민에 대한 전반적인 관심이 필요함을 나타내는 결과이다. 옴진드기에 의한 개선충의 발생은 야생동물뿐만 아니라, 가축과 반려동물, 사람에게도 감염되고, 적절한 치료가 없을 경우 사망에까지 이를 수 있으며, 스페인, Fennoscandia, 호주의 야생동물에서는 높은 이환율과 치사율을 나타내었다(Fernandez-Moran et al., 1997; Pence and Ueckermann, 2002; Fuller, 2013). 특히 야생동물-야생동물, 야생동물-가축과 반려동물, 야생동물-사람 사이에서의 교차 감염의 가능성이 높아(Arlan et al., 1984; Graczyk et al., 2001; Niedringhaus et al., 2019; Moroni et al., 2022), 파편화된 서식지에서는 포유동물 군집의 보전에 위험 요소로 작용할 수 있다고 제안되었다(Matsuyama et al., 2019). Park et al. (2022)은 우리나라 멸종위기종 산양의 개선충 연구에서 우제류와 개선충의 상호작용을 통해 산양 개체군 동태에서 영향을 미칠 수 있어, 종합적인 야생동물 질병 관리 방안의 필요성을 기술하였고, Moroni et al. (2022)은 야생동물과 사람의 보건위생이 별개의 문제가 아닌 하나의 건강 관리차원에서 접근해야 한다고 제안하였다.

이번 연구에서는 우리나라 여러 지역에서 너구리를 비롯한 야생 포유동물에서 옴진드기의 여러 가지 단상체형이 종-특이적인 양상이 아닌, 지역-연관 분포를 나타냄을 확인하였고, 동일 생태계 내에서 사람을 포함한 모든 포유동물이 서로 감염에 연관될 수 있으며, 대발생의 원인이 될 수도 있음을 시사하고 있다. 하지만, 옴진드기 감염에 의한 개선충 발병의 추이, 생물학적 특성과 임상수의학적 영향, 교차 감염이나 발생 경로에 대한 보다 심층적인 연구도 뒤따라야 할 것이다. 또한 야생동물 서식지 인근 지역에 거주하는 주민뿐만 아니라 야생동물의 건강에 대한 관리를 통한 생태계 건강성 유지를 위한 적절한 관리방안들이 마련되어야 할 것이다.

ACKNOWLEDGEMENT

본 논문은 환경부의 "멸종위기종증식복원및반달가슴곰공존문화조성사업"에서 수행된 결과의 일부이며, 연구비 지원에 감사드립니다.

REFERENCES

- Andriantsoanirina V, Fang F, Arieu F, Izri A, Foulet F, Botterel F, Bernigaud C, Chosidow O, Huang W, Guillot J, Durand R. 2016. Are humans the initial source of canine mange? *Parasites & Vectors* 9:177.
- Arlian LG, Runyan RA, Estes SA. 1984. Cross infestivity of *Sarcoptes scabiei*. *Journal of the American Academy of Dermatology* 10(6):979-986.
- Cho BK. 2011. Reemerging skin disease caused by arthropods I: scabies. *Journal of the Korean Medical Association* 54(5):511-520.
- Choe S, Kim S, Na KJ, Nath TC, Ndosi BA, Kang Y, Bia MM, Lee D, Park H, Eamudomkarn C, Jeon HK, KS Eom. 2020. First infestation case of sarcoptic mange from a pet rabbit *Oryctolagus cuniculus* in Republic of Korea. *Korean Journal of Parasitology* 58:315-319.
- Chun BM, Park JH, Her Y, Kim CW, Kim SS. 2009. A case of human infestation of canine scabies. *Korean Journal of Dermatology* 47(1):104-107.
- Currier RW, Walton SF, Currie BJ. 2011. Scabies in animals and humans: history, evolutionary perspectives, and modern clinical management. *Annals of the New York Academy of Science* 1230(1):E50-E60.
- Engelman D, Cantey PT, Marks M, Solomon AW, Chang AY, Chosidow O, Enbiale W, Engels D, Hay RJ, Hendrickx D, Hotez PJ, Kaldor JM, Kama M, Mackenzie CD, McCarthy JS, Martin DL, Mengistu B, Maurer T, Negussu N, Romani L, Sokana O, Whitfield MJ, Fuller LC, Steer AC. 2019. The public health control of scabies: Priorities for research and action. *The Lancet* 394:81-92.
- Eo KY, Kwon OD, Shin NS, Shin T, Kwak D. 2008. Sarcoptic mange in wild raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*) in Korea. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine* 39(4):671-673.
- Escobar LE, Carver S, Cross PC, Rossi L, Almberg ES, Yabsley MJ, Niedringhaus KD, Van Wick P, Dominguez-Villegas E, Gakuya F, Xie Y, Angelone S, Gortazar C, Astorga F. 2022. Sarcoptic mange: An emerging panzootic in wildlife. *Transboundary and Emerging Diseases* 69(3):927-942.
- Fain A. 1978. Epidemiological problems of Scabies. *International Journal of Dermatology* 17:20-30.
- Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39(4):783-791.
- Fernandez-Moran J, Gomez S, Ballesteros F, Quiros P, Benito JL, Feliu C, Nieto JM. 1997. Epizootiology of sarcoptic mange in a population of cantabrian chamois (*Rupicapra pyrenaica parva*) in northwestern Spain. *Veterinary Parasitology* 73:163-171.
- Fraser TA, Charleston M, Martin A, Polkinghorne A, Carver S. 2016. The emergence of sarcoptic mange in Australian wildlife: an unresolved debate. *Parasites & Vectors* 9:316.
- Fraser TA, Holme R, Martin A, Whiteley P, Montarello M, Raw C, Carver S, Polkinghorne A. 2019. Expanded molecular typing of *Sarcoptes scabiei* provides further evidence of disease spillover events in the epidemiology of sarcoptic mange in Australian marsupials. *Journal of Wildlife Diseases* 55(1):231-237.
- Fraser TA, Shao R, Fountain-Jones NM, Charleston M, Martin A, Whiteley P, Holme R, Carver S, Polkinghorne A. 2017. Mitochondrial genome sequencing reveals potential origins of the scabies mite *Sarcoptes scabiei* infesting two iconic Australian marsupials. *BMC Evolutionary Biology* 17:233.
- Fuller LC. 2013. Epidemiology of scabies. *Current Opinion in Infectious Diseases* 26: 123-126.
- Graczyk TK, Mudakikwa AB, Cranfield MR, Eilenberger U. 2001. Hyperkeratotic mange caused by *Sarcoptes scabiei* (Acariformes: Sarcoptidae) in juvenile human-habituated mountain gorillas (*Gorilla gorilla beringei*). *Parasitology Research* 87(12):1024-1028.
- Kang SB, Lee JY, Cho BK, Houh W. 1988. A case of human infestation of canine scabies. *Korean Journal of Dermatology*. 26:570-574.
- Karimkhani C, Colombara DV, Drucker AM, Norton SA, Hay R, Engelman D, Steer A, Whitfield M, Naghavi M, Dellavalle RP. 2017. The global burden of scabies: A cross-sectional analysis from the Global Burden of Disease Study 2015. *The Lancet Infectious Diseases* 17(12):1247-1254.
- Kauhala K, Kowalczyk R. 2011. Invasion of the raccoon dog *Nyctereutes procyonoides* in Europe: History of colonization, features behind its success, and threats to native fauna. *Current Zoology* 57(5):584-598.
- Kim JH, Cheong HK. 2019. Epidemiologic trends and seasonality of scabies in South Korea, 2010-2017. *Korean Journal of Parasitology* 57(4):399-404.

- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33:1870-1874.
- Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, McGettigan PA, McWilliam H, Valentin F, Wallace IM, Wilm A, Lopez R, Thompson JD, Gibson TJ, Higgins DG. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics* 23:2947-2948.
- Lee WK, Cho BK. 1995. Taxonomical approach to scabies mites of human and animals and their prevalence in Korea. *Korean Journal of Parasitology* 33(2):85-94.
- Makouloutou P, Suzuki K, Yokoyama M, Takeuchi M, Yanagida T, Sato H. 2015. Involvement of two genetic lineages of *Sarcoptes scabiei* mites in a local mange epizootic of wild mammals in Japan. *Journal of Wildlife Diseases* 51(1):69-78.
- Martin AM, Burridge CP, Ingram J, Fraser TA, Carver S. 2018. Invasive pathogen drives host population collapse: Effects of a travelling wave of sarcoptic mange of sequence data. *Journal of Applied Ecology* 55:331-341.
- Matsuyama R, Yabusaki T, Kuninaga N, Morimoto T, Okano T, Suzuki M, Asano M. 2015. Coexistence of two different genotypes of *Sarcoptes scabiei* derived from companion dogs and wild raccoon dogs in Gifu, Japan: The genetic evidence for transmission between domestic and wild canids. *Veterinary Parasitology* 212:356-360.
- Matsuyama R, Yabusaki T, Senjyu N, Okano T, Baba M, Tsuji-Matsukane T, Yokoyama M, Kido N, Kadosaka T, Kato T, Suzuki M, Asano M. 2019. Possible transmission of *Sarcoptes scabiei* between herbivorous Japanese serows and omnivorous Caniformia in Japan: a cryptic transmission and persistence? *Parasites & Vectors* 12:389.
- Mofiz E, Seemann T, Bahlo M, Holt D, Currie BJ, Fischer K, Papenfuss AT. 2016. Mitochondrial genome sequence of the *Scabies* mite provides insight into the genetic diversity of individual scabies infections. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 10:E0004384.
- Moroni B, Albanese F, Min ARM, Paquetti M, Guillot J, Pisano SRR, Ryser-Debiorgis M, Rufenacht S, Gauthier D, Cano-Terriza D, Scaravelli D, Rossi L, Peano A. 2023. Sarcoptic mange in Felidae: does *Sarcoptes scabiei* var. *felis* exist? A first molecular study. *Parasite* 30:11.
- Moroni B, Rossi L, Bernigaud C, Fuillot J. 2022. Zoontic episodes of *Scabies*: a global review. *Pathogens* 11:213.
- Niedringhaus KD, Brown JD, Sweeley KM, Yabsley MJ. 2019. A review of sarcoptic mange in North American wildlife. *International Journal of Parasitology: Parasites and Wildlife* 9:285-297.
- Park DS, Choi J, Kim HJ, Kim JY, Kim MH, Lee JY, Moon JC, Park HB, Park K, Yun JH, Oh Y, Choe S, Na KJ, Yoon J. 2022. Two cases of mange mite (*Sarcoptes scabiei*) infestation in long-tailed goral (*Naemorhedus caudatus*) in Republic of Korea. *Korean Journal of Parasitology* 60(6):423-427.
- Pence DB, Ueckermann E. 2002. Sarcoptic mange in wildlife. *Revue Scientifique et Technique* 21(2):385-398.
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sanchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sanchez-Gracia A. 2017. DnaSP v6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. *Molecular Biology and Evolution* 34:3299-3302.
- Saitou N, Nei M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Sanno A, Ander M, Agren E, Troell K. 2021. Sarcoptic mange in the wild boar, *Sus scrofa*, in Sweden. *Current Research In Parasitology & Vector-Borne Diseases* 1:100060.
- Skerratt LF, Campbell NJ, Murrell A, Walton S, Kemp D, Barker SC. 2002. The mitochondrial 12S gene is a suitable marker of populations of *Sarcoptes scabiei* from wombats, dogs and humans in Australia. *Parasitology Research* 88:376-379.
- Sugiura N, Doi K, Kato T, Morita T, Hayama SI. 2018. Epizootic of sarcoptic mange in raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*) in relation to population density. *Journal of Veterinary Medical Science* 80(3):544-548.
- Suld K, Tammeleht E, Valdmann H, Saarma U. 2017. Severe impact of sarcoptic mange on the movements and space use for one of its most important vector species, the raccoon dog. *Veterinary Parasitology* 243:67-70.
- Tamura K, Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10:512-526.
- Valdeperes M, Moroni B, Rossi L, Lopez-Olvera JR, Velarde R, Min ARM, Mentaberre G, Serrano E, Angelone S, Lavin S, Granados JE. 2021. First report of interspecific transmission of sarcoptic mange from Iberian ibex to wild boar. *Parasites & Vectors* 14:481.
- Walton SF, Dougall A, Pizzutto S, Holt D, Taplin D, Arlian LG, Morgan M, Currie BJ, Kemp DJ. 2004. Genetic epidemiology of *Sarcoptes scabiei* (Acari: Sarcoptidae) in northern Australia. *International Journal for Parasitology* 34(7):839-49.
- Zhao YE, Cao ZG, Cheng J, Hu L, Ma JX, Yang YJ, Wang XP, Zeng JH, Wang TP. 2015. Population identification of *Sarcoptes hominis* and *Sarcoptes canis* in China using DNA sequences. *Parasitology Research* 114(3):1001-1010.