코로나19 바이러스의 분자역학적 특성과 종간 전파

DOI: 10.3938/PhiT.29.015

정 용 석

Molecular Epidemiology of the COVID-19 Virus and Its Cross-species Transmission

Yong Seok JEONG

The COVID-19 outbreaks that emerged at Wuhan city in Hubei province have led to a formidable number of confirmed cases, resulting in more than 287,000 deaths globally. The World Health Organization declared a Public Health Emergency of International Concern and a pandemic with a very high global risk assessment. SARS-CoV-2, the agent of COVID-19, presents a more than 79% nucleotide sequence homology to SARS-CoV, so both belong to genus betacoronavirus and subgenus sarbecovirus. The S1 domains of those two appear to share the cellular receptor ACE2, but reveal a much higher S1-ACE2 binding affinity. As seen in many other human coronaviruses, SARS-CoV-2 also shows respiratory infection, but the basic reproductive number (R_0) in transmission and the clinical latency are quite dissimilar from those for SARS- or MERS-CoVs. The time point for crossing the species barrier from bats to mediate animals or to humans should be rather recent based on the full-length genome analyses obtained from the very first patients. Copy-choice polymerization, often leading to an extensive genome recombination in most coronaviruses, forecasts the continued emergence of novel coronaviruses.

저자약력

정용석 교수는 University of Texas-Austin 미생물학과에서 박사학위를 취득한 후, Harvard Medical School 박사후연구원을 거쳐, 1995년부터 경희대학교 이과대학 생물학과 교수로 재직 중이며, 지금은 RNA 바이러스의 감염과 분자진화 연구를 진행하고 있다. (ysjeong@khu.ac.kr)

들어가는 말

2019년 12월 초에 시작되어 세밑에 불거져 나온 중국 후베이성 우한시 보건의료진의 보고와 국제학술지 발표로 시작된 신종 코로나바이러스(Coronavirus) 감염증은 2020년 5월에 이르러 정보가 공개되지 않는 극소수 나라나 지역을 제외한 전 세계에서 총 420만여 명의 감염 확진자와 29만 명이 넘는 사망자(2020년 5월 14일 현재)를 낳고 있는 현재 진행형의 팬데믹이다(그림 1). 우한시 화난 수산물시장과 연관된 바이러스성 폐렴 환자 9명에서 얻어낸 기관지-폐포 세척액과 인후부 도찰(swab) 시료의 바이러스 유전물질 분석을 통해 이 폐렴의 병원체는 사스-코로나바이러스(SARS-CoV)와 유사하면서도 아직 보고된 적이 없던 새로운 코로나바이러스로 확인되었다. 코로나19 바이러스는 2002-2003년에 국제사회를 공포에 빠트렸던 SARS-CoV 및 박쥐에 지속감염 중인 사스-유사 코로나바이러스들과 매우 높은 염기서열 상동성을 지녀 사람에서 니파, 헨드라, 사스, 메르스에 이은 여러 코로나바이러스 중증 감염의 출현 가능성을 거듭 확인하고 있다.

코로나바이러스의 구조와 생활사

코로나바이러스는 최근 일반인들이 알게 된 것과는 달리 이미 1960년대 중반에 포유류 및 조류 가축과 사람에게 호흡기 및 소화기 질병을 일으키는 병원체로 확인된 상당히 큰 집단을 이루고 있는 바이러스이며 일부는 중추신경계와 심장에도 문제를 일으킨다.^[1] 코로나바이러스 감염숙주로는 특히 큰 경제적 손실을 가져오는 돼지, 소, 토끼, 닭, 칠면조 등의 가축과 개, 고양이 등의 반려동물, 그리고 박쥐, 설치류, 그리고 사람에게 이르기까지 그 범위가 매우 넓다.^[2] 특정 바이러스의 발생과 진화 역사가 숙주범위(host range)와 반드시 일치하는 것은

REFERENCES

- [1] P. S. Master and S. Perlman, Coronaviridae. In Fields Virology 6th Ed. pp. 825-858.
- [2] J. Cui, F. Li and Z-L. Shi, Nat. Rev. Microbiol. 17, 181 (2019).

Globally, as of 8:35am CEST, 14 May 2020, there have been 4,218,212 confirmed cases of COVID-19, including 290,242 deaths, reported to WHO.

Fig. 1. WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard. (Adapted from <http://covid19.who.int>)

아니지만 조류와 포유류에 모두 걸쳐 감염한다는 점에서 코로나바이러스의 역사도 상당한 기간으로 이어 왔을 가능성이 적지 않다.

코로나바이러스의 외형은 직경 100~150 nm의 구형이며 입자의 제일 바깥쪽은 바이러스 수용체로 기능하는 돌기단백질(S 단백질, 바이러스 수용체)이 세포막과 같은 성분으로 만들어진 지질막을 가로질러 길게 뻗어 나온 모습으로서 전형적인 피막형(enveloped) 바이러스에 속한다.^[1] 마치 왕관을 연상케 하는 전자현미경 관찰 외양에서 바이러스의 이름도 유래한다. 바이러스의 유전체는 약 26~32 kb(1 kb는 염기 1000개)의 단일 가닥 RNA 한 분자이며 세포의 리보솜과 결합해 즉각적으로 단백질로 번역될 수 있는 양성(+)가닥이다.^[2,3] 유전자들은 크게 14개 정도로 구별되지만 복제효소복합체는 실제 16개 정도의 작은 단백질들이 합쳐진 것이므로 세분하면 그 수는 더 많아진다.

모든 바이러스들이 그렇듯이 코로나바이러스도 숙주의 특정 장기를 이루는 특정 세포를 만나 그 세포의 세포막 단백질 중 하나에 부착하면서 숙주세포 안쪽으로 진입을 시도한다. 이때 바이러스 S 단백질과 만나 진입을 매개하는 세포 수용체(ACE2 막단백질)의 분자적 구조는 바이러스 수용체 구조와 가능한 높은 상보성을 지녀야 안정된 흡착상태를 형성하고 이는 결국 바이러스 감염에 대한 감수성을 결정하는 핵심 요인이 된다.^[1] 즉 같은 코로나바이러스라 하더라도 일반감기, 사스, 메르스, 코로나19의 병원체가 나름대로 차별적인 수용체 간 상호작용을 나타내는데, 세포의 어떤 수용체와 만나는가에 따라 감염이 시작되거나 체내에서 확산되는 경로가 달라지며 이러한 차이에 따라 숙주의 면역체계가 대응하는 방법과 수위가

달라지고 이는 결국 병의 발생과 진행의 차이로 귀결되기 때문에 신종 바이러스와 숙주 세포의 수용체에 깊은 관심을 기울인다.^[2,4] 이와 동시에 수용체 간의 만남을 저해할 수 있다면 감염의 첫 단계를 차단하게 되므로 유용한 항바이러스제 개발에도 특히 중요한 부분이다.

코로나바이러스는 수용체 간 상호작용을 매개로 바이러스의 피막과 세포막이 융합을 일으키고 그 결과 바이러스 유전체와 단백질 일부가 세포질 내에 노출된다. 이 융합과정은 세포막에서 이뤄질 수도 있지만 일단 세포막에 둘러싸인 막주머니 형태로 삼켜진 다음에 이뤄질 확률이 높다. 세포질에 노출된 바이러스의 단일가닥 (+)RNA 유전체는 곧 바로 세포의 리보솜과 만나 이후 복제과정에 필요한 바이러스 복제/전사 효소복합체를 생산하고 가져온 유전체를 복사하여 전체 길이 및 줄어드는 길이의 여러 음성(-) RNA를 생산한다. 유전체 복제 및 각 유전자의 발현에 필요한 준유전체 mRNA(subgenomic mRNA)들은 앞서 생성된 여러 (-)RNA 분자들을 전사하여 생성된다.^[1-3] 이렇게 생산된 mRNA로부터 앞서 복제한 바이러스 (+)RNA 유전체를 감싸 입자를 구성하게 될 구조단백질들과 여타 기능에 필요한 비구조단백질을 합성하여 감염력이 완비된 자손 바이러스 입자들을 다량 증식하는 것이다. 이 과정에서 주목되는 부분은 코로나바이러스의 독특한 복제/전사 전략인데 주형이 되

REFERENCES

- [3] S. Su, G. Wong, W. Shi, J. Liu, A. C. K. Lai, J. Zhou, W. Liu, Y. Bi and G. F. Gao, *Trend Microbiol. Rev.* **24**, 490 (2016).
- [4] X. Xu, P. Chen, J. Wang, J. Feng, H. Zhou, X. Li, W. Zhong and P. Hao, *Sci China Life Sci.* **63**, 457 (2020).

는 가닥을 복사해나가던 효소-복사물 복합체가 일정 부분 복사를 진행하다가 종종 주형에서 떨어져 나가 다시금 주형에 둘러싸여 복사를 계속한다는 점이다. 만약 효소복합체가 중간에 이탈했던 주형과 다시 결합한 주형이 서로 다른 종류의 주형일 경우에는 마치 주형가닥 2개가 각각 잘려 새로 짚지어 만들어진 듯 재조합 유전체가 생성(주형-선택 기전)된다.^[3]

지금껏 발견된 RNA 바이러스 중 가장 긴 유전체를 가졌음에도 불구하고 점돌연변이 발생률이 대부분의 RNA 바이러스와 큰 차이가 나지 않는 것은 남다른 복제 오류 교정능력을 지닌 효과일 것으로 추정되며 이는 유전적 안정성과 유전자 구조의 유연성에도 도움이 된다.^[3,5] 결국 코로나바이러스의 다양한 변종 생성을 동반한 진화는 주로 이 독특한 복제/전사 전략에 기인한다. 오늘날 자연숙주 및 매개동물을 포함한 다양한 숙주에서 나뉘는 감염을 일으키는 코로나바이러스 종들은 대부분이 재조합 생성물이라는 점에서 코로나바이러스가 종간 장벽을 넘어 전파될 가능성은 상시적 실재일 가능성이 높다.

코로나19의 출현과 계통 분석

2020년 2월 7일 국제바이러스계통분류위원회(ICTV)의 코로나바이러스 연구그룹(CSG)은 신종 코로나바이러스의 이름을 'SARS-CoV-2'로 제안했다.^[6] 2월 12일 국제보건기구(WHO)는 그간 임시로 사용되었던 신종 폐렴 병원체인 '2019-nCoV'에 의한 병명을 'COVID-19(CORonaVirus Disease-19)'로 결정했음을 공표하였고^[7] 같은 날 우리나라 보건당국이 공식명칭으로 채택한 신종 코로나바이러스 감염증의 새 이름은 코로나19이다. 병원체 이상의 폐렴 환자들은 대부분 중국 후베이성 우한시에 위치한 화난수산물시장 방문이력이 있는 것으로 확인되었고 이 시장은 이름과 달리 수산물뿐 아니라 다양한 가축 및 야생동물들도 빈번히 거래되는 장소였기에 진원지로 의심 받고 있지만 사스-유사 바이러스들의 연구 중에 의도치 않게 누출되었을 가능성도 회자되고 있다.^[8]

중국질병관리본부 연구원들을 중심으로 한 연구진은 사람의 기도상피세포(HAE 세포)를 이용한 감염배양으로 바이러스를 분리하는 한편 중합효소연쇄반응 기법으로 시료 속의 SARS-CoV-2 유전물질을 검출, 증폭하였다. HAE 세포에 배양된 바이러스와 기관지폐포 세척액 시료에서 직접 염기서열을 결정하고 미국의 유전자정보은행(GenBank, US NIH)의 참고서열들과 비교한 결과는 다음과 같았다: 첫째, 완전한 유전체로 밝혀진 8종의 염기서열은 서로 99.98% 이상의 상동성을 보임에 따라 이 바이러스가 사람에게로 넘어 온 시점은 아주 최근이며 한 차례의 종간 전파가 발생했을 가능성. 둘째, 이미 등록되어 있는 염기서열 중 코로나-19과 가장 유사한 염기서열은

박쥐에서 검출되었던 코로나바이러스로서 베타 그룹에 속해 있는 bat-SL-CoVZC45와 bat-SL-CoVZXC21 두 종이며 각각 87.99% 및 87.23%의 상동성을 나타내면서도 바이러스 수용체의 역할을 하는 돌기 단백질(S)은 다른 유전자들에 비해 매우 낮은 상동성(약 80%)을 보였다는 점. 셋째, 그 동안 심각한 중증폐렴을 일으켰던 SARS-CoV와는 약 79%, 그리고 MERS-CoV와는 약 50%의 상동성을 갖는다는 점 등으로 요약된다.^[8]

이와 같은 유전체 비교분석을 바탕으로 추론하면, SARS-CoV-2의 자연숙주(또는 보균숙주)는 관박쥐일 확률이 매우 높으며 이 박쥐의 몸에서 지속감염의 형태로 존재하던 여러 종류의 변이주 중 하나가 직접 접촉을 통해 또는 매개동물을 경유하여 사람으로 넘어 왔을 것으로 생각된다.^[9] 2002-2003년 전 세계의 사스 대유행 이후 현재까지 많은 연구자들이 탐색하여 분석하고 국제적 유전자은행에 등록한 코로나바이러스 중 앞서 언급한 두 종의 bat-SL-CoV들과 상대적으로 높은 상동성을 나타냈지만 S 단백질 등을 고려할 때 이들이 직접적인 조상일 가능성은 크지 않다. 같은 맥락에서, 베타코로나바이러스 중 동일한 하위군에 속하고 호흡기 외에 소화기 감염이 종종 수반된다는 점에서 SARS-CoV와 여러 임상 특성을 공유하지만 분자역학적 측면에서 SARS-CoV-2는 분명하게 구별되는 계통 발생의 흐름을 갖는 것으로 보인다. 물론 염기서열 유사성이 절반 남짓한 MERS-CoV와는 꽤 오래전에 나뉘어 진화했으리라는 추정이 합리적이다.

SARS-CoV-2 전파의 역학적 특성과 치사율

발생 후 불과 3개월도 채 되지 않은 현 시점에서 집계된 감염확진자의 수를 보면 SARS-CoV-2의 사람 간 전파력이 사스나 메르스에 비해 월등히 높다는 사실을 적시하고 있으며 이 바이러스의 감염재생산지수(R_0)도 그간의 추정치를 훌쩍 넘기리라는 것을 알 수 있다.^[8,10] 따라서 지금 대다수의 관심사는

REFERENCES

- [5] V. D. Menachery, B. L. Yount Jr., K. Debbink *et al.*, Nat. Med. **21**, 1508 (2015).
- [6] A. E. Gorbalenya, S. C. Baker, R. S. Baric *et al.*, Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: the species and its viruses-a statement of the Coronavirus Study Group. bioRxiv 2020:1-15.
- [7] WHO, <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>.
- [8] R. Lu, X. Zhao, J. Li *et al.*, Lancet **395**, 565 (2020).
- [9] D.T.S. Hayman, Annu. Rev. Virol. **3**, 77 (2016).
- [10] E. Callaway and D. Cyranoski, Nature (News in focus) **577**, 605 (2020).

자연숙주가 박쥐로 추정되는 SARS-CoV-2가 어떤 경로를 타고 사람으로 중간 전파가 이뤄졌는지에 대한 것이다.

SARS-CoV와 마찬가지로 사람의 ACE2 단백질에 결합할 것으로 보이는 SARS-CoV-2의 S1-CTD(S1 단백질의 카복시 말단, 수용체 결합 영역)와 SARS-CoV의 같은 영역을 비교한 결과와 결합 모델이 보고되었다. 두 영역 사이의 아미노산 서열 상동성은 76.47%에 불과하고 그중 핵심 아미노산 5개 중 단 1개만 동일하며 그로 인해 결합력을 좌우하는 자유에너지 차이가 28 kcal/mol에 달하는 데도 불구하고 오히려 SARS-CoV의 S 단백질보다 코로나19 바이러스의 S 단백질이 10~20배의 수용체 친화력을 나타낸다는 연구보고가 뒤이어 나왔다.^[4,11] 이는 사스-유사 코로나바이러스 수용체의 구조적 유연성이 한편으로 중간 장벽을 수월하게 뛰어넘는데 기여할 가능성도 적지 않음을 시사한다.

코로나19 감염증 발발 이전, 중국 윈난성에서 확보한 박쥐의 베타코로나바이러스가 SARS-CoV-2의 염기서열과 매우 높은 상동성(>96%)을 나타냈다는 보고를 참조한다면 SARS-CoV-2가 박쥐에서 직접적으로 사람으로 넘어오는 중간 전파가 이뤄졌다는 추정도 가능하다. 그러나 사향고양이나 단봉낙타가 중간에 있었던 SARS-CoV나 MERS-CoV의 사례들과 박쥐와 사람의 생태 사이 간극이 그다지 가깝지 않다는 점들을 고려하여 SARS-CoV-2가 우연한 기회에 어떤 매개동물에 감염하고 그 동물과 사람이 접촉하면서 인간사회에 출현하는 우회적 중간 전파가 설득력을 얻고 있다.^[5,9,12] 코로나19 감염증 확산 초반에 파충류임에도 불구하고 뱀이 매개동물로 잠시 회자된 것이나 최근 천산갑이 후보 중 하나로 설득력을 얻게 된 것도 같은 맥락이지만 사향고양이 이전에 수많은 포유동물 종이 후보 매개동물로 부침했었다는 점에서 어느 하나로 확정하기는 선부르다.

이 모든 과학적 분석자료와 추론을 배경으로 우리에게 가장 뚜렷한 실체는 지금 이 순간에도 우한과 후베이성을 중심으로 코로나19 감염증은 하강국면에 들지 않았다는 사실과 중국에 인접한 몇몇 국가들에서도 방역망을 넘어서 지역사회 전파 조짐이 보인다는 점이다. 사실 바이러스의 전파력은 앞서 소개한 수용체 간 상호작용 이외에도 감염자의 임상적 잠복기나 무증상 감염 또는 증상의 경미함 등 여러 요인이 관여한다. 일반적으로 바이러스의 치명적 정도 혹은 병독성은 전파력에 반비례하는 경향이 크다. 어떤 바이러스 감염자의 임상적 잠복기가 짧고 증상이 격렬하며 치사율이 높으면 비감염자와 접촉 가능 기간이 짧아져 그만큼 전파 확률도 낮아진다.^[13] 에볼라바이러스에 의한 감염증이 이의 대표적 사례인 반면 에이즈의 병원체인 HIV는 최소 수년에 이르는 매우 긴 잠복기가 이런 경향의 변수로 작용한다.^[1] 지금까지 밝혀진 코로나19 감염증의 임

상적 잠복기는 평균 4~5일이며 최대 14일 정도의 통계치를 보이고 있으나 최근 14일을 넘어서는 사례도 매우 낮은 빈도로나마 있을 우려가 제기되고 있다. 게다가 감염자가 발현하는 증상은 발열과 기침을 동반한 인후통, 폐렴에 의한 호흡곤란 등의 의료적 처치가 필요한 사례가 많지만 일반 감기나 가벼운 독감 정도의 증상에 그치는 사례도 적지 않아 서로 인지하지 못한 상태에서 바이러스 전파가 이뤄지는 확률이 높아 지역사회 전파 가능성은 더 크다.^[3,10,14]

전 세계 각지의 의료 여건 및 환자 유형 등에 따라 SARS-CoV-2 감염에 의한 사망사례가 다르고 아직 대유행이 진행형이기 때문에 합리적인 치사율을 상정하기는 어려우나 전반적으로는 2~6% 내외로 추정하고 있다. 2002~2003년 사이 약 9개월간 전 세계 29개국에서 8,000여 명의 감염환자 중 774명이 사망했던 사스 유행병은 9% 이상, 2012년 중동에서 발원하여 25개국에서 36% 넘는 치사율을 보였던 것에 비하면 상대적으로 낮게 느껴질 수 있으나 감염자 수치가 크다면 2% 남짓의 사망률도 매우 큰 희생을 초래한다.^[15]

한편 이와 같은 사망률은 단지 원인 바이러스의 본질적 병독성에만 의존하는 수치가 아니라는 점을 주목할 필요가 있다. 의료기술과 수준이 상대적으로 평준화되어 있는 국제화 시대에는 신종 병원체에 대한 특별한 치료제나 백신이 없을 경우 해당 국가나 지역의 의료인프라를 활용하는 대중치료가 주요 처치 방안이기 때문에 환자수 대비 의료시설 및 의료인력, 그리고 지원물자의 원활한 공급여부가 핵심적인 변수로 작용할 것이다. 작금의 팬데믹 상황에서 감염환자의 폭발적 급증을 당면했던 우한시와 후베이성, 이탈리아, 스페인, 영국, 미국 뉴욕시 등에서 볼 수 있듯이 한정된 시간 동안 얼마나 많은 감염자에게 의료적 처치가 가능한지가 그 사회의 의료기술 수준보다 훨씬 중요한 영향인자로 작용한 바 있다(그림 2). 한편, 지난 2015년 우리나라에서 186명의 감염자가 발생했던 메르스는 중동지역과 달리 20% 정도의 치사율에 그쳤으며 이는 우리나라의 전반적인 의료수준과 인프라가 적잖이 기여한 불행 중

REFERENCES

- [11] D. Wrapp, N. Wang, K. S. Corbett *et al.*, Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science* 2020; DOI:10.1126/science.abb2507.
- [12] J. Cohen, Mining coronavirus genomes for clues to the outbreak's origins. 2020 *Science*; DOI:10.1126/science.abb1256.
- [13] J. Flint, V. R. Racaniello, G. F. Rall and A. M. Skalka, Emergence. In *Principles of Virology* 4th Ed. pp. 342-354 (2015).
- [14] Y. Bai, L. Yao, T. Wei, F. Tian, D-Y. Jin, L. Chen and M. Wang, Presumed asymptomatic carrier transmission of COVID-19. *JAMA* 2020; doi:10.1001/jama.2020.2565.
- [15] J. A. Al-Tawfig, A. Zumla and Z. Memish, *Trav. Med. Inf. Dis.* 12, 422 (2014).

Fig. 2. Number of confirmed COVID-19 cases, by date of report and WHO region, 30. Dec. 2019. 12. 30 - 2020. 05. 13. (Adapted from COVID-19 Situation Report-114, WHO)

다행스런 결과였다.^[16]

아직도 전 세계적으로 하루 8만여 명의 신규 감염자와 수 천 명을 뛰어 넘는 신규 사망자가 이어지고 있어 코로나19 감염증에 의한 치사율을 정확히 가늠하는 일은 쉽지 않다. 인간의 두려움은 맞닥뜨린 위험을 최소화하는데 필요한 마땅한 심리적 방어기제이다. 그럼에도 당면한 위협의 실체는 다양한 요인으로 인해 쉽게 증폭되어 실제적 위협보다 훨씬 높은 체감위험도를 낳는다는 점에서 당국과 시민 상호 간의 투명하고 진솔한 커뮤니케이션과 협력은 첫째로 주목되어야 할 요인일 것이다.

감염 의사환자 또는 확진환자의 증상 발현 여부, 동선과 접촉 범위 등에 따라 역학적 판단을 바탕으로 펼쳐지는 격리나 시설 폐쇄 등 보건당국의 방역망은 전염병 통제의 성과를 가르는 1차적 보루이다. 이 체계가 원활하게 작동하고 각 사안 및 단계에 따른 매뉴얼과 의료적 개입, 그리고 자원이 효과적으로 수행되고 지원된다면 감염자의 수가 많고 적음은 부차적 사안이 된다. 그러나 감염자가 소수일지라도 그 감염이 누구를 통해 어떤 정황에서 이뤄졌는지를 명확히 파악할 수 없다면 1차적 방역망을 넘어서 지역사회 전파로 전환되며 당국의 방역 체계에는 전략적 전환이 요구된다. 대구-경북 지역을 중심으로 몰아친 1차 감염파고를 견디어내고 한동안 잦아드는 듯했던 우리나라에서도 봉쇄에 가까운 사회적 거리두기에서 생활방역으로 전환한 지 불과 며칠 만에 전파경로가 불분명한 감염자들이 수도권 이곳저곳에서 급증하고 있다. 이는 무증상 또는 미약 증상 감염자들에 의한 지역사회 전파연쇄 고리가 여전히 끊어지지 않았다는 의미이며 그 결과 방역 범위는 다시 확대되고 있으며 질병의 궁극적 통제는 점점 더 어려워졌다.

우리나라와 여러 선진국들은 전문성이 구비된 보건당국과 의료 인프라가 잘 갖춰져 있고 바이러스 등 병원체 관련 과학자들도 다수 포진하고 있다. 이런 국가에서 신종 전염병에 대처하는 데에는 과도하게 막연한 두려움에 휩쓸리지 않고 절대 긴장을 놓지 않는 이성적 심리와 전문가의 의견과 가이드를 적극 따라주는 일반 대중의 협조가 가장 중요한 기반이며 지역사회 전파 상황에서는 이런 점들이 특히 절대적이다. 코로나19 감염증의 1차 진앙은 중국이었지만 그 파동의 골과 마루는 전 세계에 연쇄적으로 전달되어 이 신종 유행병의 끝이 어디 일지는 누구도 낙관하기 어렵다. 감염경로를 추적할 수 없는 지역사회 전파는 그 동안 잘 버텨내온 우리에게도 새로운 도전과제를 부여할 것이며 효과가 우수한 치료제와 백신의 도움을 받는다 하더라도 코로나19 감염증은 완전한 소멸 대신에 계절성 폐렴으로 우리 곁에 남아 다음 세대들까지도 지속적인 감염공포에서 벗어나지 못할 수 있다. 21세기에 들면서 기후 변화는 예상 단계를 넘어 현실이 되었고 이는 식물의 생태변화로 출발해 동물의 생태변화를 강제하고 동물의 행동변화는 뜻밖의 감염병 아웃브레이크를 유발한다.^[17] 어쩌면 이제 소규모의 감염발생을 전제해 방역전략을 마련하고 미지의 감염성 병원체 및 자연과 인간의 삶이 어우러진 뉴 노멀의 시대를 마주해야 할 때가 왔는지도 모른다. 이 지구는 인간만을 위한 삶의 터전이 아님을 너무 오래 잊고 살았다.

위 글은 '2019 Novel Coronavirus Disease Outbreak and Molecular Genetic Characteristics of Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus-2' (J Bacteriol Virol. Vol 50. No 1. February 2020; 50(1): 1-8)을 특집으로 재정의한 것임을 밝힙니다.

* 위의 기고는 한국물리학회 홍보잡지인 물리학과 첨단기술 편집위원회로부터 코로나-19 비상시국에 협의를 받아 과총 홍보잡지인 월간 '과학과 기술-3월호[특집_전염병의 대역습] Vol. 610 (2020)'에 게재한 글을 약간 수정하여, 본지 5월호에 특집으로 게재한 글임을 밝힙니다.

REFERENCES

- [16] J-W. Noh, K-B. Yoo, Y. D. Kwon, J. H. Hong, Y. Lee and K. Park, Int. J. Environ. Res. Public Health **17**, 305 (2020); <https://doi.org/10.3390/ijerph17010305>.
- [17] J. S. Towner, A. J. Kuenzi, R. J. Douglass, P. E. Rollin, L. A. Waller, K. H. Bagamian, J. N. Mills, Transmission Ecology of Sin Nombre Hantavirus in Naturally Infected North American Deer Mouse Populations in Outdoor Enclosures, PLoS One 2012; <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0047731>.