

2013년도 공수병 위험지역 내 교상자 발생 현황

Animal Bite Cases in High-risk Region of Rabies, 2013

질병관리본부 국립보건연구원 면역병리센터 인수공통감염과
박준선, 김수연, 황규잠

Abstract

In Korea, animal rabies occurred in Gangwon and some parts of the northern Gyeonggi Province. However in 2012, its outbreak was newly reported in Suwon and Hwaseong in Gyeonggi Province, which were the southern part of Han River and natural boundary barrier, while further reports were made only in those areas in 2013. According to the National Animal Bite Patient Surveillance (NABPS) that is a system implemented from 2011 for real-time report, 552 animal bite cases were reported in 2013. The number of cases reported in Suwon and Hwaseong in Gyeonggi Province, the newly designated danger area, was 39. Among the number of cases classified by WHO based on physical contact caused by animal bites, 80.1% belonged to category III, which was the high risk group and although most of them received proper treatment after the bite (post-exposure prophylaxis: PEP), 4 cases with incomplete PEP after the bite were considered to possess a risk of potential animal rabies. There were 3 patients who were bitten by an animal with positive animal rabies and it showed that those patients were properly

treated according to the guidance. Animal rabies has occurred continuously in Korea; nonetheless, the number of human rabies has been "0" since 2005. In order to prevent animal rabies, it is suggested to improve the awareness on animal rabies while vitalizing PR about it.

CONTENTS

- 713 2013년도 공수병 위험지역 내 교상자 발생 현황
- 720 전장유전체상관분석 소개 및 전망
- 726 폭염 대비 온열질환 감시체계 및 건강수칙 안내
- 729 주요통계 : 수족구병 의사환자 분율/
유행성각결막염, 급성출혈성결막염 발생분율/
인플루엔자 의사환자 분율/지정감염병

I. 들어가는 말

우리나라의 광견병(animal rabies) 발생시기는 아래의 세 시기로 구분한다[1]. 국내에서 광견병 발생이 최초로 보고된 1907년부터 1945년까지 전국적으로 만연하던 “광견병 다발시기”, 해방 이후 1992년까지 가축에 대한 예방접종으로 발생이 점차 감소되면서 1984년을 끝으로 발생보고가 없는 “광견병 축소 종식시기”, 1993년부터 현재의 강원도 철원의 개에서 광견병이 다시 확인된 “광견병 재발생시기”로 구분된다[1,2]. 재발생 시기 이후부터 2011년까지 광견병 발생은 강원도와 경기도 북부의 일부 지역에서만 발생하였으나 2012년에는 자연 경계벽이던 영동고속도로와 한강 이남 지역인 경기도 수원과 화성 지역에서도 광견병이 새롭게 발생하였고, 2013년에는 경기도 수원과 화성 지역에서만 발생이 보고되었다.

국내에서 광견병에 감염된 동물과 공수병환자에서 유행하는 공수병바이러스에 대한 유전학적 특성 연구를 실시하여 계통학적 상동성을 분석하였을 때 크게 강원(Gangwon), 경기(Gyeonggi) 두 그룹(group)으로 나누어짐을 보고하였다[2,3,4]. 이 두 개의 group은 다시 4개의 subgroup(Ganwon I, Ganwon II, Ganwon III, Gyeonggi)으로 나누어지는데 바이러스가 분리된 지역 및 발생년도에 따른 특징을 가지고 있다. 특이할 만한 점은 2012년 경기도 수원과 화성에서 발생한 광견병바이러스의 유전자를 분석하였을 때 Gyeonggi subgroup 바이러스가 아닌 Gangwon I subgroup과의 유사성이 가장 높게 나타났다는 점이다[5].

사람에서의 공수병 발생은 1999년 이후 6명의 환자가 보고되었다. 이들은 모두 공수병 위험지역 내에서 너구리 또는 개에 의해 교상되었으며 교상 후 치료를 전혀 받지 않거나 부적절한 치료를 받아 사망하였다. 공수병은 발병 시 특별한 치료법이 없지만 교상자에 대한 발생현황, 동물교상 시 주변 환경, 교상동물에 대한 임상증상 관찰, 교상 후 치료 형태를 종합적으로 판단하여 교상 후 치료를 통해 예방적 치료가 100% 가능한 질병이다. 2005년 이후 공수병 교상자 감시와 예방 사업의 일환으로 전문가 및 유관기관의 적극적인 협조를 통해 공수병 발생 “0”명을 유지하고 있다[6,7].

2011년부터는 공수병 교상환자 발생 실험실 감시시스템 『National Animal Bite Patient Surveillance, NABPS: 질병보건통합관리시스템 내 <http://is.cdc.go.kr>』을 개발하여 교상자에 대한 적절한 조치, 치료 등을 실시간으로 모니터링하고 분석하여 공수병의 예방관리를 강화하고자 하였으며, 공수병 발생 위험지역에 속한 보건소와 지역 주민에 대한 예방홍보를 강화하는 협력관계를 유지하고 있다[10]. 본 내용은 2013년도에 보고된 자료를 과거 보고자료와 비교하여 분석한 결과를 기술하였다.

II. 몸 말

공수병 교상자 발생 감시현황으로 보고된 건수는 2005년 359건, 2006년 463건, 2007년 449건, 2008년 529건, 2009년 658건, 2010년 641건, 2011년 683명, 2012년 606명이었고, 2013년도에는 552명이 보고되었다(Figure 1). 전년도 대비 경기도와 강원도에서의 교상자 발생비율은 2012년도에 비해 2013년도에 경기도는 23.8% 감소, 강원도는 22.7% 증가하였다. 2010년 이후로 경기도 지역에서의 교상환자는 매년 감소하는 경향을 보였다[7, 8]. 국가동물방역 통합시스템(Korea Animal Health Integrated System, KAHIS1, <http://www.kahis.go.kr>) 보고에 의한 동물의 광견병 발생은 2011년까지는 강원도 지역에서만 보고되었지만, 2012년에는 경기도 수원과 화성에서 발생하였고, 2013년도에는 경기도 지역에서만 6건의 광견병 발생이 보고되었다. 사람에서의 공수병은 2005년 이후 0명 발생을 유지하고 있다(Table 1).

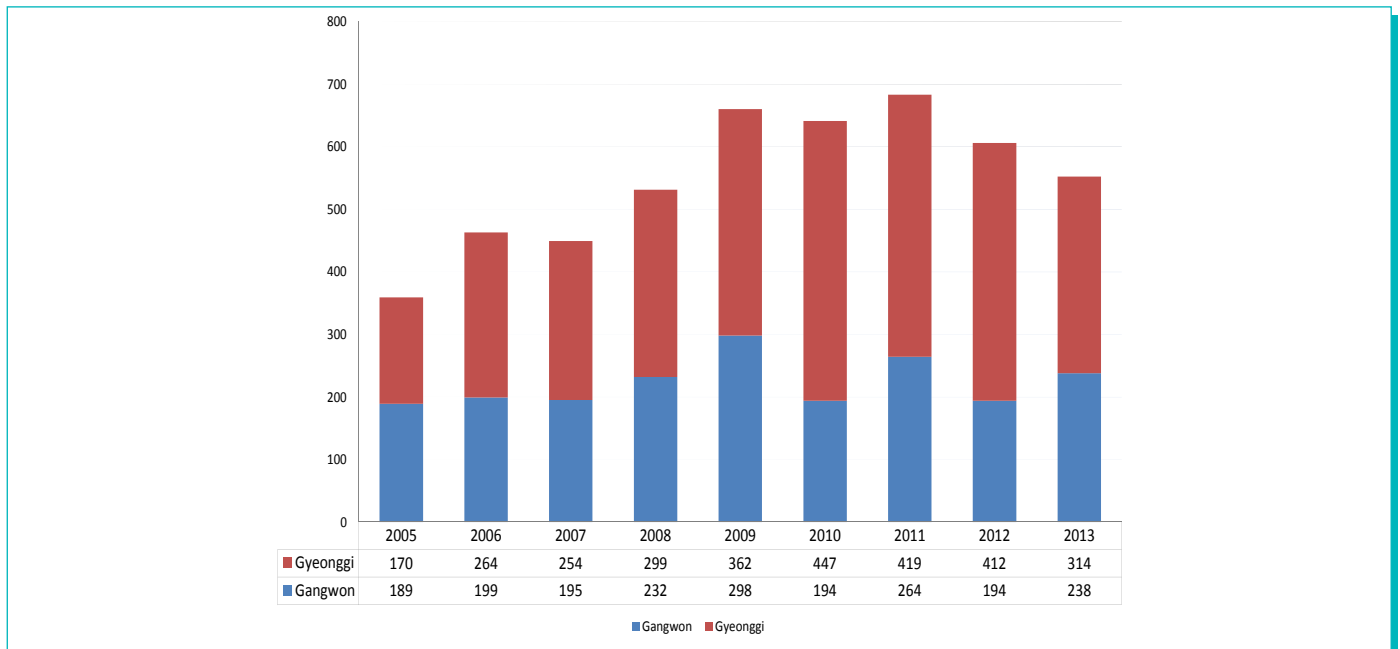


Figure 1. Number of animal bite cases reported in high-risk region of rabies in Korea, 2005–2013

Table 1. Number of animal and human rabies cases reported in Korea, 2005–2013

	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Animal rabies ¹⁾	14	19	3	14	18	10	4	7	6
Human rabies	0	0	0	0	0	0	0	0	0

1) KAHIS (Korea Animal Health Integrated System)

2013년도에 인구 10만명당 교상자 발생이 많은 지역은 경기도에서는 연천, 양주, 가평, 그리고 강원도에서는 양구, 고성, 속초, 철원 순이었다. 하지만 이들 지역에서의 광견병 동물은 발생하지 않았다. 우리나라의 광견병 재발생 시기의 광견병 발생현황은 경기도지역은 파주, 연천, 양주, 포천 순이며, 강원도지역은 철원, 화천, 양구 순으로 보고되었다[1]. 2012년에 경기도 수원과 화성에서 광견병 동물이 재확인되면서 2013년도부터 공수병 위험지역으로 선정되었고 이 지역에서 39명의 교상자가 보고되었다.

연령에 따른 교상자 분석 결과, 교상자가 많이 발생한 연령대는 2011–2012년과 같이 40, 50대였고, 다음으로 60대, 30대 순으로 발생빈도가 높았다(Table 2). 또한 9세 이하 어린이에서 발생한 교상은 전체 교상환자 중 평균 6%로 매년 비슷하게 지속적으로 발생하고 있다. 남녀성비에 따른 교상자는 남성이 63.1%, 여성이

36.9%로 나타나 남성이 여성에 비해 26.2% 정도 높은 발생률을 나타냈으며 전년도에 비해 남성 교상자 수가 6.6% 증가하는 경향을 보였다. 광견병 양성동물은 대부분 봄과 겨울에 많이 발견되었는데(45.3%), 교상동물 중 빈도가 가장 많은 종류는 개로 82.1%였고, 그 다음으로 고양이에 의한 교상이 11.4%로 보고되었다. 국내 공수병 바이러스를 전파하는 자연 숙주로 알려진 너구리에 의한 교상은 전체 교상의 0.2%에 해당되었다. 야생동물에 의한 교상은 4.7%가 보고되었는데 멧돼지, 오소리, 청솔모, 족제비, 고라니, 두더쥐, 산양, 쥐 등이 이에 속한다(Table 3). 설치류, 토끼, 산토끼에 의한 전파는 거의 없지만 접촉한 동물의 상태에 따라 개별적으로 고려하여 교상 후 치료를 받아야 한다. 교상부위는 손과 다리부위가 가장 많이 보고되었고, 전년도의 발생양상과 차이가 없었다. 특히 얼굴에 대한 교상은 2.9%로 확인되었다(Table 3).

Table 2. The demographic characteristics of all the animal bite patients in high-risk region in Korea, 2011–2013

Categories	2011(%)	2012(%)	2013(%)
Sex			
Male	56.4	56.5	63.1
Female	43.6	43.5	36.9
Age			
<10	6.2	5.9	5.4
10–19	6.8	8.7	8.5
20–29	8.7	9.1	8.3
30–39	10.9	11.4	10.1
40–49	19.6	16.3	18.1
50–59	19.3	22.4	24.3
60–69	13.6	12.4	12.7
70–79	11	10	9.8
80–89	3	3.5	2.4
90≤	0.9	0.3	0.4
Season			
Spring(3–5)	25.2	32	28.1
Summer(6–8)	34.5	30.2	35.0
Fall(9–11)	27.7	20.5	19.7
Winter(12–2)	12.6	17.3	17.2

Table 3. Parts of body site and animal species causing bite in rabies risk region in Korea, 2011–2013

Categories	2011(%)	2012(%)	2013(%)
Body site of animal bite			
Hands	44.7	45.1	45.0
Arms	11.1	10.1	13.8
Feet	2.9	3.3	2.7
Legs	32.2	27.1	29.2
Face	3.1	2.6	2.9
Neck	0	0.2	0.4
Body	1	2.1	1.4
Hip	0.6	0.8	0.4
>2 sites	4.0	6.6	3.6
Unknown	0.4	2.1	0.6
Animal species causing bite			
Dogs	88.4	80.8	82.1
Cats	9.2	12.5	11.4
Cattle	0	0	0.2
Raccoon dogs	0.3	1.8	0.2
wild animals	2.1	4.4	4.7
Unknown	0	0.2	1.4
Bats	0	0.3	0

공수병은 대부분 광견병에 걸린 동물과의 신체 접촉에 의해서만 전파가 가능하므로 표준 치료 방법은 동물과의 신체 접촉 유형에 따라 다르다. 세계보건기구(WHO)에서는 동물교상에 따른 신체접촉의 정도에 따라 세가지 범주로 구분하고 있다[9]. 2013년 교상자 보고 사례 결과 0.4%가 범주 I(동물을 만지거나 먹이를 주고 핥는 경우; 정확히 확실하면 치료 불필요)에 속하였고, 13.4%가 범주 II(출혈이 되지 않을 정도의 피부가 벗겨지거나 긁힘, 상처가 있는 피부를 핥거나 정상 피부를 약하게 물린 경우; 백신만 5회 접종)에 속하였으며, 가장 빈번한 접촉 유형이었던 80.1%가 범주 III(교상 또는 심하게 할퀴를 당하거나 점막부위에 동물의 타액이 닿는 경우; 백신 5회, 인면역글로블린 접종)에 속한 것으로 나타났다(Table 4). 모든 범주에서 50.2%가 응급조치인 상처 치료(wound treatment)만을 했고, 18.8%는 교상 후 치료(complete PEP)를 받았다. 그리고 치료를 중단한 교상 후 치료 미완료(incomplete PEP) 사례는 26.6%였다.

2013년도 교상환자 중 공수병 고위험군에 해당하는 범주 III에 속하면서 상처 치료만을 처치 받은 사례는 442명(49.1%)이었다. Table 5를 보면 상처 치료만을 처치 받은 사례 가운데 82%는

교상 동물을 관찰할 수 있었고, 18%는 취식, 도살, 매매 등의 이유로 인하여 관찰이 불가능하였다. 또한 교상 후 치료 미완료 사례에서는 백신접종 이력이 있어 면역력을 보유하고 있는 경우에 해당되어 백신만 2회 접종 받은 경우가 88.9%, 교상 동물에 대한 임상증상 관찰 결과 또는 광견병 진단검사(부검) 음성 결과로 관리지침에 따라 교상 후 치료를 중단한 경우가 83.3%였다. 처치 받지 않은 교상환자 5명은 모두 교상동물에 대한 임상증상을 관찰하여 처치를 받지 않았다. 그러나 교상 동물을 관찰하지 못하면서 교상 후 치료 미완료 사례가 4명으로 의사판단에 의한 1건, 접촉거부 1건, 백신만 3회 1건, 백신 1회 1건으로 발병 위험성이 잠재해 있을 것으로 우려되었다.

2013년 발생한 교상건수 중 9마리의 교상동물(사육견, 유기견, 야생고양이)에 대하여 뇌조직을 통한 광견병 검사가 진행되었고 이중 3마리가 광견병 양성으로 나타났으며, 모두 집에서 키우는 사육견으로 보고되었다(Figure 2). 이들 3건의 광견병 양성 동물은 모두 경기도 화성에서 발생하였다. 광견병 양성인 동물에 의한 교상환자는 모두 교상 후 치료를 적절히 받아 공수병으로 진행되지는 않았다.

Table 4. Analysis of factors influencing prophylaxis and treatment in the cases after animal bites in 2013

Influential factors	Wound treatment rate(%)	Incomplete PEP (%)	Complete PEP (%)	Untreatment (%)	Unknown (%)
Expose category					
I*	0.2	-	0.2	-	-
II†	8.9	1.8	1.4	0.4	0.9
III‡	39.3	21.4	16.3	0.9	2.2
Unknown	1.8	3.4	0.9	-	-

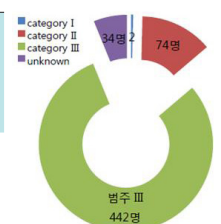
* : Touching, feeding of animals or licks on intact skin

† : Minor scratches or abrasions without bleeding or licks on broken skin and nibbling of uncovered skin

‡: Single or multiple transdermal bites, scratches or contamination of mucous membrane with saliva (i.e. licks)

Table 5. Analysis of factors influencing prophylaxis and treatment in the cases after exposure category III from animal bites in 2013

Influential factors	Wound treatment rate (%)	Incomplete PEP(%)		Complete PEP (%)	Untreatment (%)	Unknown (%)
		Two dose vaccination	Stop vaccination			
Observation of clinical symptom	82.0	88.9	83.3	31.1	100.0	66.7
Unknown	18.0	11.1	16.7	68.9	0.0	33.3



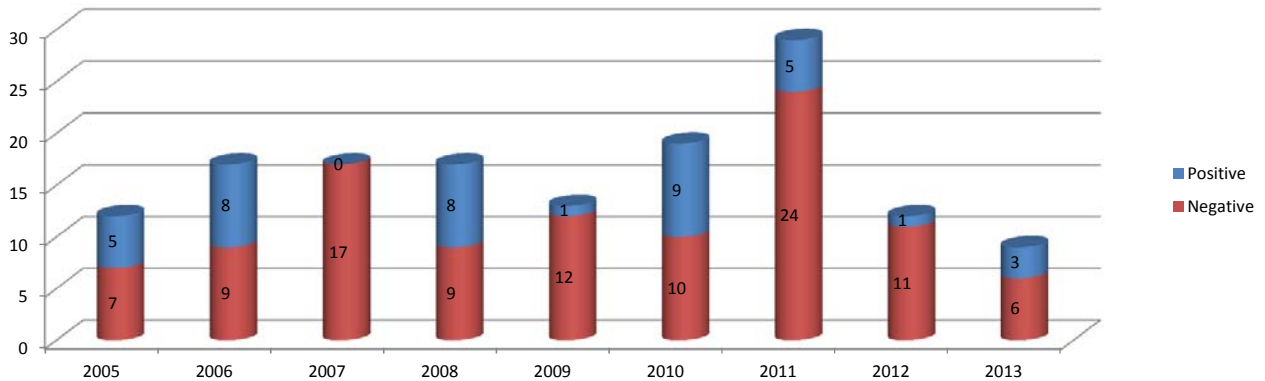


Figure 2. The number of cases identified as rabies virus infection through animal biopsy

Ⅲ. 맺는 말

우리나라에서 광견병은 특정 지역에서만 발생하는 공중보건 문제로 여겨져 동물 교상에 의한 심각성을 인지하지 못하고 교상자의 50% 정도가 통상적인 상처치료, 상처봉합만을 처치 받았다. 특히 교상 동물을 관찰하지 못하면서 교상 후 치료를 실시하지 않은 미완료 사례 4명은 공수병 발병 위험 가능성이 존재함에도 의식부족과 홍보부족으로 적절한 치료가 수행되지 못하였다. 또한, 2013년 NABPS에 등록된 교상자 중 광견병 양성동물에 의한 교상환자 3명은 시기를 놓치지 않고 교상 후 치료가 이루어져 공수병 환자가 발생하지 않았다.

공수병의 치명률, 예방홍보사업, 교상 경험, 교상 후 의료이용 여부 등에 관한 주민들의 인지도를 알아보기 위해 공수병 위험지역으로 지정된 시 군의 거주자를 대상으로 실시한 설문조사 결과에 따르면[1], 거주지역이 공수병 위험지역이라는 것, 공수병의 치명률, 공수병 예방교육 홍보를 접한 경험에 대한 인지도는 낮은 수준으로 조사되었다. 그러나 2005년부터 현재까지 위험지역 내 보건소와 연계하여 교상환자 감시가 적극적으로 이루어지고 있고, 공수병 발생 “0”명을 유지하고 있는 것으로 평가되고 있으며, 2008년부터 2년마다 정기적으로 “공수병 예방강화 및 감시를 위한 워크숍” 개최를 통해 위험지역 내 보건소, 군부대 담당자 및 공수병 각 분야 전문가들을 통한 지식과 정보의 공유가 이루어지고 있어 차후

위와 같은 공수병에 대한 교육홍보에 대한 조사를 시행하여 이러한 노력들의 적절성을 평가받아야 할 것으로 사료된다.

우리나라는 공수병치료제인 인면역글로블린과 백신을 한국희귀의약품센터에서만 구매할 수 있다. 물론 공수병 위험지역의 일부 보건소에서는 기초자치단체의 예산으로 백신과 인면역글로블린을 구매하여 보유하고 있지만 연휴나 공휴일에 응급환자가 발생하였을 경우 백신과 인면역글로블린을 구하는데 어려움이 있고 관련 민원도 꾸준히 의뢰되고 있다.

이에 따라 질병관리본부에서는 공수병 발생 “0”명을 지속적으로 유지하기 위해 공수병 예방·관리 지침서를 개정하고 내실 있는 교육 홍보 전략을 추진하여 공수병에 대한 인식전환과 위험지역 주민과 의료인에 대한 교육홍보를 활성화하고자 한다.

IV. 참고문헌

1. 이훈재, 2007. 공수병 위험지역 주민과 보건의료인 교육홍보 전략 개발. 질병관리본부.
2. 현방훈, 이경기, 김재조, 임성인, 김인중, 표현미, 송재영. 2011. 북동 아시아지역 광견병바이러스와의 분자 역학적 비교 분석을 통한 국내 분리주의 상세 계통 분류. *Kor. J. Ver. Publ. Hlth.* 35(4):261-269.
3. Yang DK, Park YN, Hong GS, Kang HK, Oh YI, Cho SD, Song JY. 2011. Molecular characterization of Korean rabies virus isolates. *J Vet Sci.* 12(1):57-63.
4. Park JS, Kim CK, Kim SY, Ju YR. 2013. Molecular characterization of KGH, the first human isolate of rabies virus in Korea. *Virus Genes.* 46:231-241.
5. Oem JK, Kim SH, Kim YH, Lee MH, Lee KK. 2014. Reemergence of rabies in the southern Han River region, Korea. *J. Wild. Dis.* 50(3):681-8.
6. 질병관리본부 백서. 2005, p394.
7. 한명국. 2011. 2010년도 공수병 위험지역 내 교상자 발생 현황. 질병관리본부 주간건강과 질병. 4(27):481-485.
8. 박준선, 김수연. 2012. 2011-2012년도 공수병 위험지역 내 교상자 발생 현황. 질병관리본부 주간건강과 질병. 6(24):465-470.
9. WHO. 2005. WHO Expert Committee on Rabies, 2004. First Report, WHO technical report series no. 931. Geneva:World Health Organization, Switzerland. p.13.
10. Han MG, Ryou JS, Jeong YE, Ju YR, Cho JE, Park JS. 2012. Epidemiologic features of animal bite cases occurring in rabies-endemic areas of Korea, 2005 to 2009. *Osong Public Health Res Perspect.* 3(1):14-18.

전장유전체상관성분석 소개 및 전망

The Introduction and Prospect of Genome-Wide Association Study

질병관리본부 국립보건연구원 유전체센터 바이오과학정보과

홍경원

Abstract

In the early 21st century, the completion of the reference human genome sequence has triggered the advance of high throughput genomics technologies and has expanded the human genetic epidemiology into genome scale epidemiology. The trend has accelerated by the increasing availability of mapped single nucleotide polymorphism (SNP) markers and improvements in genotyping technology, allowing for massive testing of genetic variants in minimal time. The reductions in cost and time have made it feasible to conduct large-scale genome-wide association studies (GWAS) using the genotypes of many thousands of SNPs in thousands of individuals. So far, 1927 reports with 13,418 SNPs (GWAS catalogue on July 10, 2014: <http://www.genome.gov/gwastudies>) have been published to identify the gene-disease or non-disease trait associations. However, there has been considerable concern about the explanation power of GWASs, because they could explain only a small fraction of the associated trait's heritability. The limited explanation power might be due to the complex pattern of genetic variants such as the rare or population specific variants, and gene-environment interactions in each individual or each ethnic group. In this review, I will introduce the GWAS overview, the interpretation methods, and the prospective.

영향을 미치는 유전변이를 SNP chip 상에 존재하는 수십만 개의 SNP들 중에서 통계적 유의성을 바탕으로 선별해내는 연구분야이다. 지난 10년 동안 급격하게 그 연구결과 발표들이 늘어났고, GWAS 연구를 통해서 발굴된 유전변이들은 현재 미국 인간유전체연구소(National Human Genome Research Institute, NHGRI)의 GWAS catalogue 사이트 (<http://www.genome.gov/gwastudies/>)와 GWAS central(<http://www.gwascentral.org/>)에서 검색할 수 있으며, 현재(2014년 7월)까지 보고된 GWAS 결과는 약 1,000가지의 임상 및 역학 표현형들에 대해서 총 1,927편의 논문과 약 1만 3천개의 유전변이들이 보고되어 있는 것을 확인할 수 있다. GWAS catalogue 사이트에서 한국인 혹은 한국인을 포함한 아시아인에 대한 GWAS 연구들을 약 50편 이상 찾을 수 있고, 대표적인 연구 논문들을 Table 1에 나열하였다.

본 총론에서는 GWAS 연구에 대한 소개와 생물정보학적인 GWAS 결과 해석방법을 소개하고, GWAS의 한계와 미래 전망을 제시하고자 한다.

I. 들어가는말

21세기 초 인간게놈서열의 해독이 완료된 이후부터 대규모, 대용량의 유전변이 연구기법(High throughput technology)들이 급속히 발전해 왔다. 그 중에서 단염기다형성(Single Nucleotide Polymorphism, SNP)을 대용량으로 마이크로어레이 칩(SNP microarray chip)에서 분석할 수 있는 기술의 발전으로 적은 비용과 짧은 시간에 수십만 개의 SNP들의 유전자형을 결정할 수 있게 되었다. 그런 SNP chip을 이용하여 전장유전체상관성분석연구(Genome-Wide Association Study, GWAS)가 수행되었는데, 연구집단 내에서 임상 혹은 역학 변수들에

II. 몸 말

전장유전체 상관성 분석(GWAS)

단염기다형성(SNP)은 DNA 염기서열 중에서 하나의 서열에 돌연변이가 생겨서 다른 서열로 치환되고, 이후 집단 내에서 일정한 빈도로 존재하는 유전변이이다. GWAS는 보통 10만 개에서 100만 개 이상의 SNP들을 마이크로어레이 실험을 통해서 개개인의 SNP 유전자형(Genotype)들을 결정하고, 그렇게 결정되어진 유전자형들 중에서 질병이나 특정표현형과 동시에 존재하는 확률을 계산해서, 가장 유의성이 높게

Table 1. GWAS reports of Korean or East Asian (including Korean samples)

Phenotypes	FirstAuthor	Journaland Publicationyear	Phenotypes	FirstAuthor	Journaland Publicationyear
Adiponectin levels	Jee SH et al.	Am.J.Hum.Genet.2010	Hypertension	Kim SJ et al.	Circulation2012
Alcohol consumption	Baik I et al.	Am.J.Clin.Nutr.2011	Ischemic stroke	Cheong MY et al.	YonseiMed.J.2011
Alcohol dependence	Park BL et al.	Hum.Genet.2013	Kawasaki disease	Kim JJ et al.	Hum.Genet.2011
Alzheimer's disease	Miyashita A et al.	PloS one 2013	Leukemia	Han S et al.	LeukemiaRes.2010
Anthropometrictraits	Croteau-Chonka DC et al.	Obesity 2010	Leukemia	Kim DH et al.	Blood 2011
Aspirin exacerbated respiratory disease in asthmatics	Park BL et al.	Hum.Genet.2013	Lung adenocarcinoma	Miki D et al.	Nat.Genet.2010
Asthma	Kim JH et al.	PloS one 2010	Lungcancer	Lee Y et al.	Carcinogenesis 2013
Asthma	Noguchi E et al.	PLoSGenet.2011	lung cancer	Yoon KA et al.	Hum.Mol.Genet.
Behcet's disease	Mizuki N et al.	Nat.Genet.2010	Metabolic traits	Kim YJ et al.	Nat.Genet.2011
Behcet's disease	Remmers EF et al.	Nat.Genet.2010	Myocardial infarction	Yamada Y et al.	Atherosclerosis 2011
Biomedical quantitative traits	Cho YS et al.	Nat.Genet.2009	Narcolepsy	Miyagawa T et al.	Nat.Genet.2008
Bloodcellcount	Kong M et al.	Int.J.Immunogenet.2012	Neuromyelitis optica	Kim HJ et al.	Neurobiol.Dis.2010
BloodPressure	Kato N et al.	Nat.Genet.2011	Non-small cell lung cancer	Ahn MJ et al.	Hum.Genet.2011
Body mass index	Wen W et al.	Nat.Genet.2012	Osteoporosis	Hwang JY et al.	J.Med.Genet.2013
Breast cancer	Cai Q et al.	Hum.Mol.Genet.2011	QT interval	Kim JW et al.	Am.J.Hum.Genet.2012
Breast cancer	Kim HC et al.	Brest Cancer Res. 2012	Renal function	Okada Y et al.	Nat.Genet.2012
Breast cancer	Long J et al.	PLoSGenet.2012	Rheumatoid arthritis	Freudenberg J et al.	ArthritisRheum.2011
Colorectal cancer	Cui R et al.	Gut 2011	Rheumatoid arthritis	Hu HJ et al.	Exp.Mol.Med.2011
Coronary heart disease	Lee JY et al.	J.Hum.Genet.2013	Smoking behavior	Yoon D et al.	Hum.Genet.2011
Diabetes (gestational)	Kwak SH et al.	Diabetes 2012	Systemic lupus erythematosus	Lee YH et al.	Mol.Biol.Rep.2012
Glycated hemoglobin levels	Ryu J et al.	Hum.Mutat.2012	Systemic sclerosis	Zhou X et al.	Arthritis Rheum. 2009
Height	Kim HN et al.	J.Hum.Genet.	Toluene diisocyanate-induced asthma	Kim SH et al.	Clin.Exp.Allergy2009
Height	Kim JJ et al.	J.Hum.Genet.2009	Type 2 diabetes (East Asian)	Ma RC et al.	Diabetologia 2013
Height	Okada Y et al.	Hum.Mol.Genet.2010	Type II diabetes	Cho YS et al.	Nat.Genet.2011
Hematology traits	Hong KW et al.	J.Hum.Genet.2013	Type II diabetes	Shu XO et al.	PLoSGenet.
Hepatitis B	Nishida N et al.	PloS one 2012	Type II diabetes	Yasuda K et al.	Nat.Genet.2008
Hepatocellular carcinoma	Clifford RJ et al.	Hepatology 2010	Vascular dementia	Kim Y et al.	WorldJ.Biol.Psychiatry 2013

GWAS paper list obtained from the GWAS catalogue (<http://www.genome.gov/gwastudies/>)

유전자형-표현형의 관련성을 나타내는 SNP를 발굴하는 분석이다[1]. 수십만 개의 유전변이를 이용해서 하나의 표현형에 대해서 통계적인 시험을 하는 방법이기 때문에, 통계적으로 다중비교의 오류가 생기게 된다. 예를 들어, 1개의 SNP와 1개의 표현형을 시험했을 때 보통 통계적인 유의성이 5%이하가 되면 관련성이 있는 것으로 정의할 수 있다. 그런데, 같은 표현형에 대해서 여러 개의 SNP들을 시험하게 되면, 통계적으로 중복비교의 문제가 발생하게 되고, Bonferroni correction이나 FDR correction이라는 통계적인 보정기법을 이용하여 결과를 보정하게 된다. 만약 50만개의 SNP를 하나의 표현형에 대해서

분석을 한다면, 중복비교에 대한 보정을 한 이후에 1×10^{-7} 이하의 유의수준을 보이는 경우에 그 SNP를 유의한 유전변이로 판정하게 된다. 그러나 이런 엄격한 통계 기준을 통과한 유의한 SNP들도 집단 간 혹은 인종 간에 그 영향의 차이가 있을 수 있다. 최근의 GWAS는 집단 혹은 인종간의 차이를 보완하기 위해 여러 집단에서 재현성 시험을 통과해야만, 최종적으로 유의성이 있는 유전변이로 결정되게 된다. 이런 단계들을 거쳐서 최종적으로 밝혀진 유전변이들은 GWAS catalogue(<http://www.genome.gov/gwastudies/>)라는 사이트에서 확인할 수 있다.

GWAS 분석 결과의 생물정보학적인 해석

GWAS를 통해서 발굴되는 SNP들은 그 자체로써 표현형에 영향을 미치는 원인유전변이인 경우도 있고, 다른 유전변이들에 대한 표지자로서의 역할을 할 수도 있다. 표지자로서 역할을 하는 유전변이의 경우는 실제적인 원인유전변이와 높은 연관불평형 관계 (Linkage Disequilibrium, LD)상태에 있는 것으로 해석된다. 여기서, 연관불평형이란 두 개의 SNP들의 게놈상의 위치를 고려하면 생식세포의 분열 시에 둘 사이에 교차(Crossing over)가 일어나서 각각 유전될 수 있지만, 같이 유전되는 확률이 높은 경우를 말한다. 이런 연관불평형을 이용한 해석은 해당 연구에서 분석된 표현형과 기존에 보고된 표현형 간에 내재하는 유전적인 기전이 동일할 수 있음을 보여주는 것으로 표현형에 대한 이해를 높일 수 있다. GWAS 결과의 해석은 유전변이의 위치에 대한 생물정보학적인 분석을 통해 SNP의 기능적인 부분을 해석하거나, 발굴된 유전변이에 대한 분자생물학적인 기능실험을 통해서 기능적인 연관성을 확인하기도 하고, 환자 시료 등 임상시료에서 그 영향을 확인하는 수준까지 발전하는 경우도 있다. 본 총론에서는 생물정보학적인 분석을 통한 SNP의 기능적인 부분에 대한 해석에 초점을 맞추어 설명할 예정이지만, 분명한 것은 기능분석에 대한 궁극적인 증명은 세포나 동물모델, 더 나아가 임상실험을 통하여 검증하는 것이 가장 확실한 방법이다.

생물정보학적인 해석방법의 첫 번째로, 발굴된 SNP와 기존에 보고되었던 GWAS 결과들의 관련성을 보는 방법이다. 이는 단순히 발굴된 SNP와 기존의 GWAS SNP가 동일한 것인지를 확인하는 것뿐만 아니라, LD 정보를 이용하여 발굴된 SNP와 보고된 SNP가 동일하지는 않지만, 두 SNP들이 높은 LD를 보이는 경우에는 발굴된 SNP와 LD상에 있는 보고된 SNP는 같은 유전적인 영향력을 가지는 것으로 생각할 수 있다. 이러한 기존의 GWAS SNP와 연구를 통해 새롭게 발굴한 SNP간의 LD관계를 이해하기 위해서는 SNAP, LocusZoom, Haploview 등의 소프트웨어를 이용하여 SNP들 간의 LD관계를 계산하고, GWAS catalogue의 해당 SNP들에 대한 기존 보고를 확인하여야 한다. 본 부서에서는 이러한 연관불평형을 이용한 분석을 쉽게 하기 위해서

GwasLD(<http://www.sourceforge.net/>)라는 프로그램을 개발하였으며, GWAS를 통해 발굴된 유전변이들의 해석에 유용하게 사용될 것으로 생각된다. 예를 들면, Figure 1에서 rs73282209 라는 SNP가 Crohn's disease의 GWAS를 통해 처음 찾아졌다고 가정하면, 현재까지 보고된 GWAS 결과들에는 rs73282209는 보고된 적이 없지만, LD상에 있는 rs100113, rs11741861 등의 SNP들이 보고되어 있고, 그들은 Crohn's disease나 Inflammatory bowel disease에서 보고가 있었던 것을 빠르게 확인할 수 있다. 본 프로그램을 사용하려면 인터넷에서 위에 명시한 [sourceforge.net](http://www.sourceforge.net)으로 접속한 후, 검색창에서 GwasLD를 넣어 엔터를 치면 해당 프로그램이 검색된다. 이 프로그램을 다운로드 받아 압축을 풀어 실행시키면 되는데, 참고로 자바가 설치되어 있어야 프로그램이 실행된다.

다음으로는, SNP가 위치하는 부위에서 근접하게 존재하는 유전자들에 대해서 해당 표현형과 관련성을 찾는 방법이다. 이 방법은 근접한 후보유전자가 연관성이 있는 SNP와 LD 관계에 있는 경우에는 유전자에 의한 표현형과 SNP와의 관련성이 더욱 높을 것이나, LD 관계가 없는 경우라 하더라도 기능분석의 후보로 분석이 많이 진행되었고, 실제 표현형에 영향을 미치는 유전자들이 밝혀지고 있다. 예를 들어, 한국인에서 대규모 GWAS를 통해서 보고되었던 여덟 가지의 정량적인 형질들에 대한 분석결과에서, 혈압에 영향을 미치는 유전변이로 rs17249754라는 SNP가 보고되었다[2]. 그 보고에서, 후보유전자로 가장 근접하게 위치하는 *ATP2B1*이라는 유전자가 보고되었는데, 이후에 *ATP2B1* 유전자에 대해서 혈압과의 기능적인 연관성들이 실험을 통해서 증명되었다[3]. 그 반대로, 유럽인과 미국인의 저밀도콜레스테롤 농도에 대한 GWAS에서 찾아진 SNP(rs12740374)는 위치적인 근접성으로 후보유전자를 찾는다면 *CELSR2*라는 유전자의 3' 비번역부위(3' untranslated region, 3'UTR)에 위치하기 때문에 *CELSR2*가 후보유전자로 처음 보고되었다. 그러나 SNP의 기능연구를 통해서 그 SNP가 실제 조절하는 유전자는 약 3만 4천 base pair 떨어진 *SORT1*이라는 유전자의 발현을 조절하는 것이 확인되었다[4]. 결론적으로 SNP와 유전자의

NO	Source	Ethnic	Query SNPs	Gwas SNPs	SNPs in LD	R ²	D'	Pubmed	Trait
1	1000G	Asian	rs 73282209	rs 1000113	rs 73282209	0.965	1.0	17554300	Crohn's disease
2	1000G	Asian	rs 73282209	rs 11741861	rs 73282209	0.965	1.0	23128233	Inflammatory bowel disease
3	1000G	Caucasian	rs 73282209	rs 1000113	rs 73282209	1.0	1.0	17554300	Crohn's disease
4	1000G	Caucasian	rs 73282209	rs 11741861	rs 73282209	1.0	1.0	23128233	Inflammatory bowel disease
5	1000G	Caucasian	rs 73282209	rs 11747270	rs 73282209	1.0	1.0	18587394	Crohn's disease
6	1000G	Caucasian	rs 73282209	rs 13361189	rs 73282209	1.0	1.0	17554261	Crohn's disease
7	1000G	Caucasian	rs 73282209	rs 7714584	rs 73282209	1.0	1.0	21102463	Crohn's disease

Figure 1. Example of the GWAS-LD

위치적인 근접성에 의한 후보유전자 판단은 그 가능성을 배제할 수는 없으나 위험성은 있다. 이러한 부분은 특히 최근에 GWAS 결과에 연계하여 네트워크 분석이나 시스템적인 분석을 시도하는 경우가 많은데, 단순한 위치적인 근접성을 통해서 발굴된 후보유전자들을 이용하는 경우 많은 주의를 요하는 것으로 판단된다.

세 번째로, ENCODE(Encyclopedia of DNA elements) 프로젝트의 결과를 활용하는 해석이다. ENCODE 프로젝트는 인간 유전체서열에 존재하는 모든 기능적인 요소들을 발굴하기 위한 대규모 국제 협력프로젝트로서, 2012년 9월에 프로젝트의 결과물들을 발표하였다[5]. Figure 2에 ENCODE에서 수행된 분석들이 정리되어 있다. RegulomeDB(<http://www.regulomedb.org>)라는 데이터베이스는 SNP의 검색을 통해서 ENCODE 프로젝트의 결과물들과 SNP의 관련성을 이해할 수 있는 정보를 제공해 준다[6]. SNP가 위치하는 부위에서 ENCODE 프로젝트의 결과인 전사인자결합부위¹⁾, 크로마틴²⁾ 구조변화, 히스톤 단백질 메틸화 혹은 아세틸화 등의 정보가 존재한다면,

그 SNP는 유전자 발현 조절에서 역할을 추정할 수 있다. 추가적으로, RegulomeDB는 유전자 발현과의 관련성 여부를 알 수 있는 expression quantitative trait loci (eQTLs) 정보를 함께 제공한다. eQTL은 SNP의 유전자형에 따라서 어떤 유전자의 발현이 같이 변화되는 경우, 그 SNP를 유전자의 eQTL이라고 부르게 된다. RegulomeDB에는 약 30,000개 정도의 SNP들이 eQTL에 속하고, GWAS 결과물 중에서 eQTL에 속하는 SNP들이 있다면 SNP의 기능과 SNP에 의해 조절되는 후보유전자를 확인할 수 있는 유용한 정보가 된다.

마지막으로, 발굴된 SNP의 인종 간 대립인자 빈도를 비교하거나, 인간과 영장류들 내에서 SNP 부위의 보존정도를 확인함으로써, 해당 SNP의 인종 특이적인 관련성 여부 및 진화적인 중요성을 이해할 수 있다. 이러한 대립인자의 빈도나 진화적인 중요성은 Ensembl(<http://www.ensembl.org/index.html>) 웹 브라우저를 이용하면 쉽게 분석이 가능하다.

1) 전사인자결합부위: 유전자가 발현되기 위해서, 유전자의 발현을 조절하는 조절인자들이 결합하는 DNA 서열

2) 크로마틴: DNA와 히스톤이라는 단백질로 구성되어 있는데 염색체의 일부분

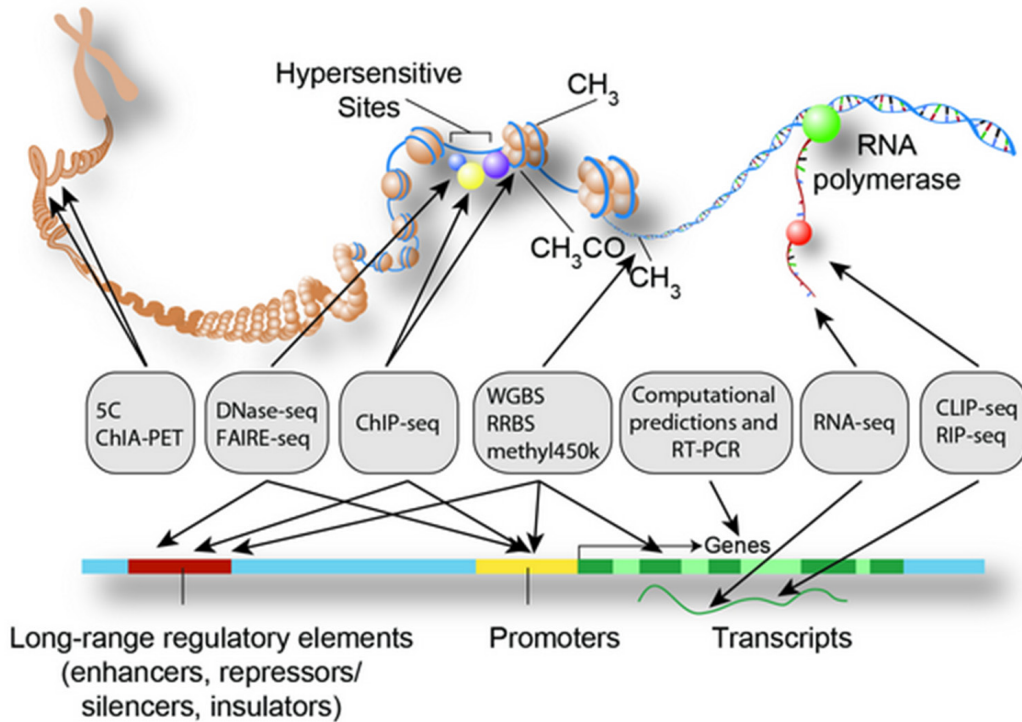


Figure 2. ENCODE project overview [7]

GWAS의 한계점 및 극복 방안

오랜 기간 GWAS의 연구결과들이 축적되면서 전문가들은 GWAS가 가지는 한계점들을 지적해 왔다. 첫째, Table 1에 나열된 GWAS 연구들을 통해서 발굴된 유전변이들의 약 90%는 유전자의 인트론³⁾ 영역이나 유전자가 없는 영역에 위치하는 변이들로, 이들은 유전자의 발현 조절에 영향을 미치거나 혹은 실제 기능적인 유전변이(표현형에 영향을 미치는 유전변이)와 단순히 연관성이 높아서 찾아진 경우가 대부분이다. 둘째, GWAS 연구에 사용되어지는 유전변이들은 대부분 집단 내에서 1% 이상의 빈도를 가지는 공통유전변이 (Common variant)를 이용해서 분석하게 되는데, 이러한 공통유전변이 만으로는 표현형에 영향을 미치는 모든 유전변이를 발굴하기는 어렵다. 셋째, GWAS를 통해서 발굴된 유전변이의 유전적 영향력(effect size)이 너무 작다.

이러한 한계점들을 극복하기 위해 다양한 연구전략들이 제시되고 있는데, 최근에 가장 큰 이슈가 되는 연구전략은 차세대 염기서열 해독방법(Next Generation Sequencing, NGS)을 활용하여 집단 내에서 저빈도(1% 미만)로 존재하는 유전변이들까지 포함한 모든 유전변이를 발굴하고 표현형과의 관련성을 보는 방법이다. 질병관리본부의 유전체센터는 2009년부터 10여 편의 GWAS 연구결과를 Nature나 Science와 같은 최상위 저널들에 발표해 왔고, 당뇨병이나 고혈압 같은 만성질환들에 대한 유전변이들을 발굴해 왔다. 그리고 위에서 언급한 한계점들을 극복하기 위해서, 2012년부터 한국인 참조유전체 서열해독 프로젝트(Korean Reference Genome Project, KRG)를 진행해 오고 있다. KRG에서는 총 600여 명의 샘플에서 전장 유전체 서열을 해독하였고, 한국인이 가지는 유전변이들의 데이터베이스

3) 인트론: 유전자 서열들 중 단백질을 암호화 하고 있지 않으면서, 전사과정에 잘려져 나가는 유전자 부위

(KRGDB)를 구축하고 있다(2014. 8 웹서비스 개시 예정). 이 후, KRG에서 발굴한 유전변이들을 활용하여, 기존에 사용되었던 GWAS의 SNP chip의 밀도를 높인다면 원인유전변이 발굴이 가능해질 것으로 예상된다. 또한, NGS 방법 이외에도 전사체나 대사체 등 다양한 Omics 자료를 활용하여 GWAS 결과를 보완하거나 GWAS 결과를 분자들간의 관련성 분석(pathway 분석) 혹은 대사체간의 관련성 분석(Metastasis 분석)등의 통합적인 분석을 통해서 GWAS의 한계를 극복할 수 있을 것으로 사료된다.

III. 맺는 말

처음 GWAS 분석방법은 대규모 SNP를 분석하고, 일반 유전학자들에게는 익숙하지 않은 명령어 입력방식의 소프트웨어를 이용하고, 또한 높은 유의성 기준을 요구함으로써, 굉장히 어려운 연구 분야로 인식되었다. 그러나 점점 분석기술이 일반화되고, 소프트웨어 및 데이터베이스들이 많이 생겨나면서, 컴퓨터에 익숙하지 않은 유전학자들이나, 임상 의사들 그리고 대학원생들까지 분석할 수 있는 분야로 일반화된 유전학 분석기법의 하나가 되어가고 있다. 결론적으로, GWAS는 앞으로 GWAS 분석만으로 독자적인 연구가 되기보다는 다른 기존의 연구과제들에서 선행적인 연구로 인식되어, 일반적인 생명과학 연구과정의 한 단계로서 쓰이게 될 것이라 생각한다.

IV. 참고문헌

1. Kruglyak, L. 1999. Prospects for whole-genome linkage disequilibrium mapping of common disease genes. *Nat Genet.* 22: 139-44.
2. Cho, Y.S. et al. 2009. A large-scale genome-wide association study of Asian populations uncovers genetic factors influencing eight quantitative traits. *Nat Genet.* 41: 527-34.
3. Shin, Y.B. et al. 2013. Silencing of *Atp2b1* increases blood pressure through vasoconstriction. *J Hypertens.* 31: 1575-83.
4. Musunuru, K. et al. 2010. From noncoding variant to phenotype via *SORT1* at the 1p13 cholesterol locus. *Nature.* 466: 714-9.
5. ENCODE Project Consortium, 2012. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature.* 489: 57-74.
6. Boyle, A.P. et al. 2012. Annotation of functional variation in personal genomes using RegulomeDB. *Genome Res.* 22: 1790-7.
7. <http://genome.ucsc.edu/ENCODE/aboutScaleup.html>

폭염 대비 온열질환 감시체계 및 건강수칙 안내

Surveillance system of heat-related illness and precautionary health guidance against heat wave

질병관리본부 감염병관리센터 기후변화대응 TF팀

임숙향, 곽진

Abstract

Since 2011, KCDC has been operating a surveillance system of heat-related illness(HRI) to monitor the health issues related to heat wave; the corresponding results are provided to relevant government agencies and to the public in order to minimize possible health damage and to draw attention to the issues regarding heat wave.

Patients suffering from HRI are constantly increasing from 443 in 2011, 984 in 2012 to 1195 in 2013. Annual duration of heat wave has also seen an increase from 15.0 days in 2012 to 18.5 days in 2013. Total of 416 suffered from heat wave over the span of 2 months from June to July 2014, particularly during July 20 to 26 when the average daily highest temperature exceeded 30.6°C for the first time this year. 19.0% of patients were known to be suffering from chronic illness(diabetes, hypertension, cardio-cerebrovascular disease). Elderly and living alone, outdoor workers, and patients with chronic illness(high blood pressure, diabetes) are known to be particularly susceptible to heat wave, which corresponds with the results obtained from the surveillance system.

Health damage from heat wave can be prevented by simply abiding by the guideline. The Climate Change TF team provides up-to-date status of HRI patients via KCDC webpage; and actively promotes the prevention of heat wave related health damage by distributing leaflets, posters, and promotional videos.

기후변화에 관한 정부간 협의체(Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC)의 제5차 기후변화평가보고서(Fifth Assessment Report, AR5)에 의하면 지구온난화로 인해 지난 112년간(1901-2012년) 지구의 평균기온이 0.89°C(0.69-1.08°C) 상승하였으며, 2081-2100년에는 전 지구의 평균기온이 3.7°C 상승할 것으로 예측하였다[1]. 우리나라의 현재(1981-2010년) 연평균 폭염일수¹⁾는 10.1일이지만

현 추세로 저감없이 온실가스를 배출한다면 21세기 후반(2071-2100년)에는 40.4일로 폭염일수가 약 4배 증가할 것으로 예측하고 있다[2].

우리나라는 폭염피해 예방 및 신속한 대응을 위하여 중앙재난안전대책본부를 중심으로 매년 6월부터 9월까지 「폭염대응 종합대책」을 수립해 오고 있다. 이에 질병관리본부는 2011년부터 폭염에 따른 건강피해를 실시간 모니터링하기 위해 온열질환 감시체계를 운영하고 있으며, 그 결과를 관계부처와 국민들에게 제공함으로써 폭염에 대한 주의 환기와 건강피해 최소화를 위해 힘쓰고 있다[3].

온열질환 감시체계는 응급실이 마련된 전국 540개소의 의료기관에서 폭염으로 인한 온열질환(열사병, 열탈진, 열실신, 열경련, 열부종) 발생현황을 보고받고 있으며, 이는 더 정확한 현황파악을 위해 보고대상을 430여개의 국가지정 응급의료기관²⁾으로 확대한 것이다.

2011-2013년 감시체계를 통해 보고된 온열질환자는 2011년(7월1일-9월3일) 443명, 2012년(6월1일-9월6일) 984명, 2013년(6월2일-9월7일) 1,195명으로 지속 증가하였으며, 연간 폭염일수 또한 2012년 15.0일, 2013년 18.5일로 평년 10.1일 대비 높게 나타났다[4](Figure 1).

2014년 6-7월 두 달 동안 총 416명의 온열질환자가 발생하였으며, 특히 7월 20일부터 26일까지 온열질환자 123명(사망1명)이 발생하였는데 이 시기 평균일 최고기온이 30.6°C로 올해 처음으로 30°C이상으로 기온이 올랐다(Figure 2). 온열질환자는 남자가 314명으로 여자보다 3.1배 많았고, 연령대는 40대 이상이 많았으며, 발생시간은 12-17시 사이에

1) 일 최고기온 33.0°C이상인 날의 일수

2) 권역응급의료센터, 전문응급의료센터, 지역응급의료센터, 지역응급의료기관

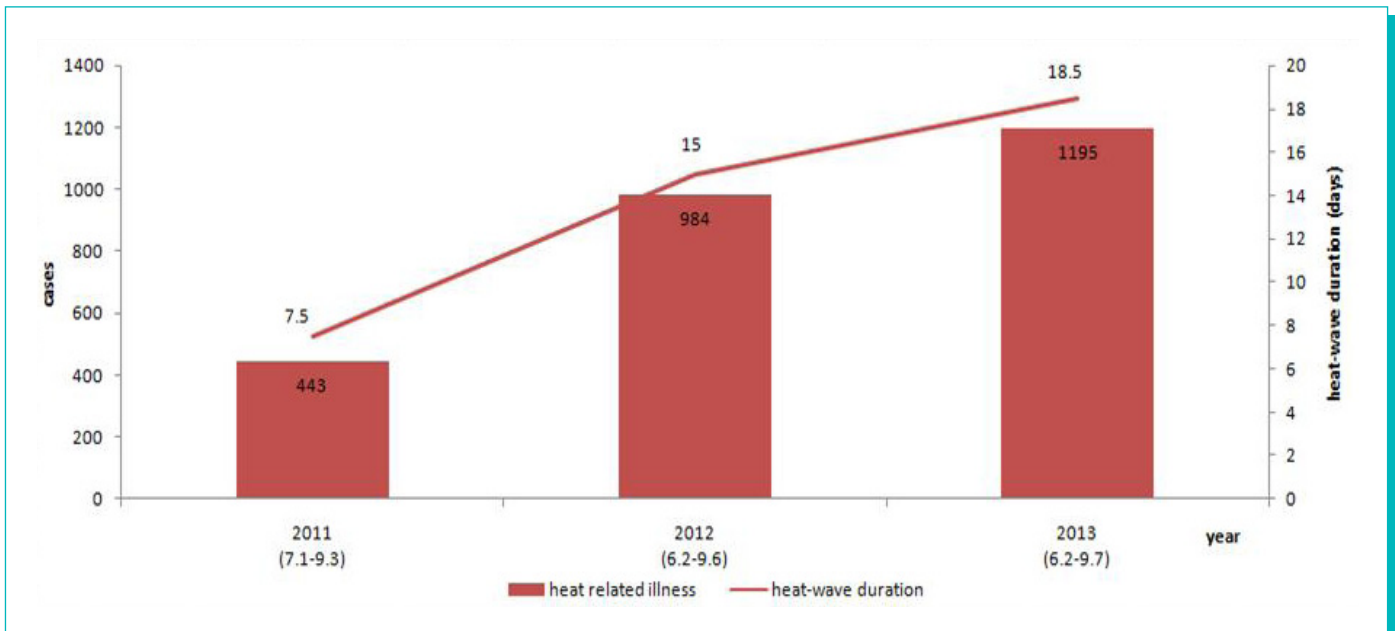


Figure 1. Annual morbidity of heat-related illness and duration of heat-wave, 2011–2013

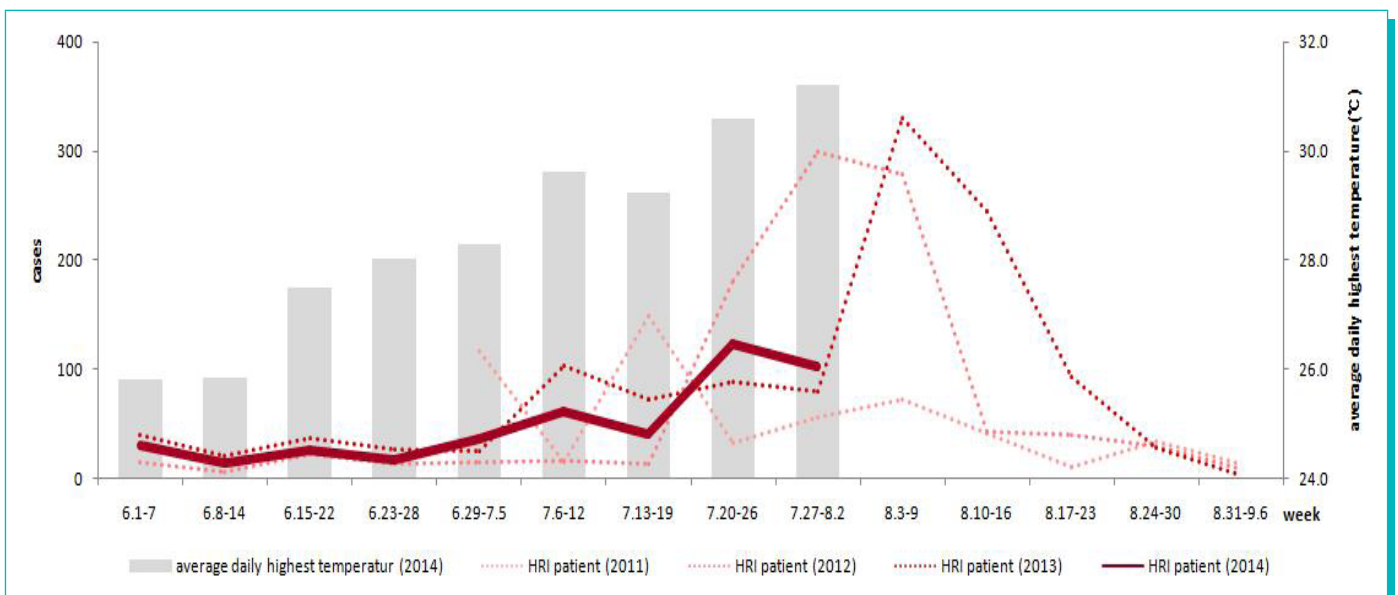


Figure 2. Weekly morbidity of heat-related illness and average of daily highest temperature

전체 온열질환자의 51.0%가 발생하였다. 발생장소는 실외가 341명으로 많았고, 특히 작업장(126명), 논밭(75명)에서 많이 발생하였다. 기저질환으로 만성질환자(당뇨, 고혈압, 심·뇌혈관질환)을 보유한 경우가 전체의 19.0%를 차지하였다. 주로 고령자와 독거노인, 야외근로자, 만성질환자(고혈압, 당뇨 등)가 폭염 취약계층으로 알려져 있는데, 이는 감시체계 운영결과와도 일치한다.

폭염으로 인한 건강피해는 건강수칙 준수만으로도 예방이 가능하다. 따라서 기후변화대응 TF팀에서는 질병관리본부 홈페이지를 통해 온열질환자 발생현황을 제공하고 있으며, 각 지자체 업무담당자를 위한 「폭염대응 건강관리 사업안내」, 폭염대비 건강피해 예방관련 홍보자료(리플릿, 포스터, 동영상)를 개발하여 아래와 같이 적극적으로 홍보하고 있다.

건강한 여름나기 이렇게 준비하세요!

1. 물을 자주 마십니다.

- 갈증을 느끼지 않아도 규칙적으로 자주 물, 스포츠음료나 과일주스를 마십니다.

※ 신장질환을 가지고 계신 분은 의사와 상담 후 물을 드십시오.

Drink plenty of water

– Even when you are not thirsty, regularly drink water, sports drink and juice

※ For those with renal issues, drink after consulting with doctor

2. 시원하게 지냅니다.

- 시원한 물로 목욕 또는 샤워를 합니다.
- 헐렁하고 밝은 색깔의 가벼운 옷을 입습니다.
- 외출 시 햇볕을 차단합니다 (양산, 모자).

Stay cool

– Bath or shower with cool water

– Wear loose clothing with bright color

– Block sunlight when outdoors (hat, sunshade).

3. 더운 시간대에는 휴식합니다.

- 낮 12시부터 오후 5시까지의 가장 더운 시간대에는 휴식을 취합니다.

※ 여름철에는 폭염특보 등 기상정보를 매일 청취합니다.

Take rest during heat peaks.

– Take rest from noon to 5 P.M. when temperature is the highest.

※ Regularly obtain weather reports during summer

〈참고자료〉

1. IPCC. 2013. Fifth Assessment Report. Climate Change 2013, The Physical Science Basis.
2. 기상청. 2012. 한반도 기후전망 보고서.
3. 질병관리본부. 2014. 폭염대응 건강관리 사업안내.
4. 질병관리본부. 2013. 폭염으로 인한 온열질환 신고현황 연보.
5. CDC. 2013. Climate change and extreme heat events.

Current Status of Selected National Infectious Diseases Surveillance

1. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD) Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

- 2014년도 제32주 수족구병의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 10.7명이며, 2013년 동기간 수족구병의사환자 분율 6.8명보다 높음.

* 잠정통계이므로 변동 가능함

* 수족구병은 2009년 6월 법정 감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영되고 있음.

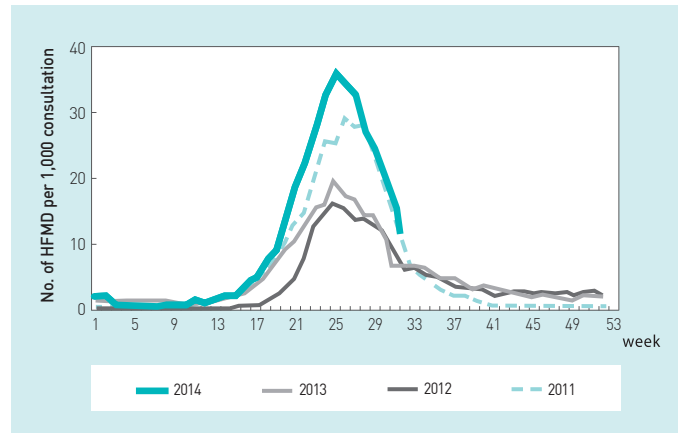


Figure 1. The status of HFMD sentinel surveillance, 2011-2014

2. Ophthalmologic, Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th week)

- 2014년도 제32주 유행성각결막염의 외래환자 1,000명당 분율은 18.9명으로 지난주 18.4명보다 증가하였음
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 2.9명으로 지난주 2.1명보다 증가하였음

* 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

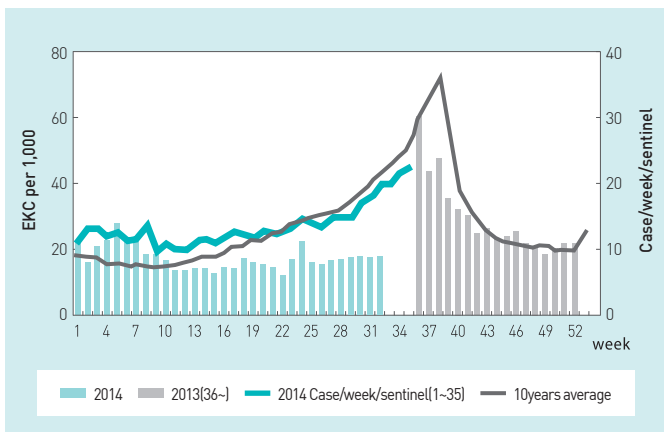


Figure 1. The mean of outpatients to Epidemic keratoconjunctivitis for a week

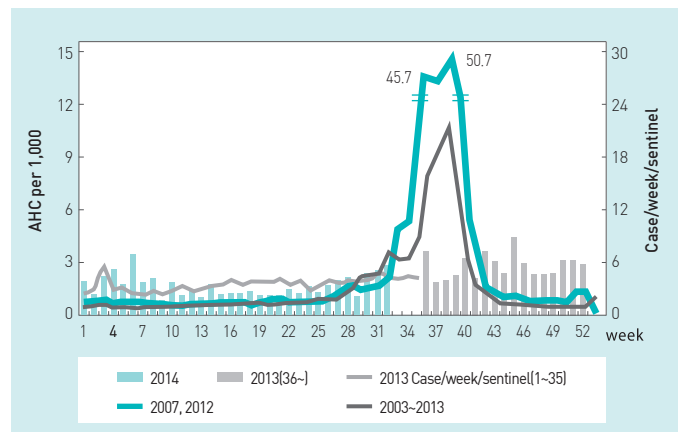


Figure 2. The mean of outpatients to Acute hemorrhagic conjunctivitis for a week

3. Influenza, Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th week)

- 2014년도 제32주 인플루엔자의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 1.6명으로 지난주(2.0)보다 감소하였으며 유행판단기준(12.1/1,000명)보다 낮은 수준임

* 2014.5.1일자 인플루엔자 유행주의보 해제

* 인플루엔자 표본감시체계가 변경됨에 따라 2013-2014절기 유행기준은 12.1명(1,000)으로 변경

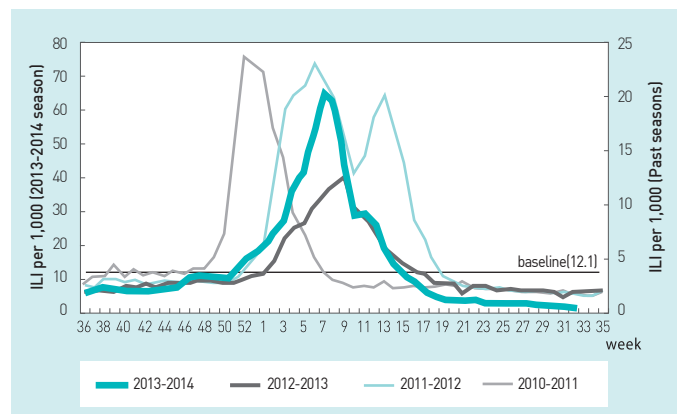


Figure 1. The weekly proportion of Influenza-Like Illness per 1,000 outpatients, 2010-2011 to 2013-2014 seasons

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

unit: no. of cases[†]

Classification of disease [‡]	Current week	Cum. 2014	5-year weekly average [§]	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country(no. of cases)	
				2013	2012	2011	2010	2009		
Group I	Cholera	–	–	–	3	–	3	8	–	
	Typhoid fever	5	194	3	156	129	148	133	168	
	Paratyphoid fever	2	25	1	54	58	56	55	36	
	Shigellosis	5	62	5	294	90	171	228	180	India(1), Philippines(1)
	EHEC	8	85	3	61	58	71	56	62	
	Viral hepatitis A [§]	13	928	43	867	1,197	5,521	–	–	
Group II	Pertussis	5	44	1	36	230	97	27	66	
	Tetanus	–	17	1	22	17	19	14	17	
	Measles	11	558	1	107	3	42	114	17	
	Mumps	414	13,604	138	17,024	7,492	6,137	6,094	6,399	China(1)
	Rubella	–	33	1	18	28	53	43	36	
	Viral hepatitis B ^{§**}	92	2,921	69	3,394	2,753	1,428	–	–	
	Japanese encephalitis	–	1	–	14	20	3	26	6	
	Varicella	442	24,979	317	37,361	27,763	36,249	24,400	25,197	
	Group III	Malaria	41	390	52	445	542	826	1,772	1,345
Scarlet fever ^{††}		72	3,758	11	3,678	968	406	106	127	
Meningococcal meningitis		–	2	–	6	4	7	12	3	
Legionellosis		–	15	1	21	25	28	30	24	
<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis		–	9	2	56	64	51	73	24	
Murine typhus		1	5	–	19	41	23	54	29	
Scrub typhus		12	235	5	10,365	8,604	5,151	5,671	4,995	
Leptospirosis		–	4	–	50	28	49	66	62	
Brucellosis		3	11	–	16	17	19	31	24	
Rabies		–	–	–	–	–	–	–	–	
HFRS		11	101	3	527	364	370	473	334	
Syphilis [§]		21	574	18	799	787	965	–	–	
CJD/vCJD [§]		–	35	1	34	45	29	–	–	
Tuberculosis		809	22,894	772	36,089	39,545	39,557	36,305	35,845	
HIV/AIDS		11	597	16	1,013*	868	888	773	768	
Group IV	Dengue fever	5	98	6	252	149	72	125	59	Bangladesh(1), Indonesia(1), Myanmar(1), Philippines(1), Thailand(1)
	Q fever	–	8	–	11	10	8	13	14	
	West Nile fever [§]	–	–	–	–	1	–	–	–	
	Lyme Borreliosis	–	5	–	11	3	2	–	–	
	Melioidosis	–	1	–	2	–	1	–	–	
	Chikungunya fever	–	–	–	2	–	–	–	–	
	SFTS	11	46	–	36	–	–	–	–	

Abbreviation: EHEC= Enterohemorrhagic *Escherichia coli*, HFRS= Hemorrhagic fever with renal syndrome, CJD/vCJD= Creutzfeldt–Jacob Disease / variant Creutzfeldt–Jacob Disease, SFTS= Severe fever with thrombocytopenia syndrome.

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year.

* The reported data for year 2014 are provisional data but the data for years 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013 are finalized data (except for HIV/AIDS).

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

‡ The reported surveillance data excluded Hansen's disease and no incidence data such as Diphtheria, *Haemophilus influenzae* type b, Poliomyelitis, Epidemic typhus, Anthrax, Plague, Yellow fever, Viral hemorrhagic fever, Smallpox, Botulism, Severe Acute Respiratory Syndrome, Animal influenza infection in humans, Novel Influenza, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome and Tick-borne Encephalitis.

§ Surveillance system for Viral hepatitis A, Viral hepatitis B, Syphilis, CJD/vCJD, West Nile fever was changed from Sentinel Surveillance System to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010.

¶ Calculated by summing the incidence counts for the current week, the 2 weeks preceding the current week, and the 2 weeks following the current week, for a total of 5 preceding years (For Viral hepatitis A, Viral hepatitis B, Syphilis, CJD/vCJD, West Nile fever, Lyme Borreliosis, Melioidosis, this calculation only used 3-year data (2011, 2012, 2013) because of being designated as of December 30, 2010).

** Data on viral hepatitis B included acute viral hepatitis B, HBsAg positive maternity and perinatal hepatitis B virus infection.

†† Data on scarlet fever included both cases of confirmed and suspected since September 27, 2012.

Table 2. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Cholera		Typhoid fever		Paratyphoid fever		Shigellosis		Enterohemorrhagic Escherichia coli		Viral hepatitis A‡		Pertussis		Tetanus									
	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§								
Total	-	1	5	194	97	2	25	31	5	62	91	8	85	38	13	928	1,991	5	44	60	-	17	9	
Seoul	-	1	1	30	20	-	3	8	1	9	17	1	12	6	3	180	383	2	12	5	-	1	1	
Busan	-	-	-	6	8	-	2	2	-	4	9	-	1	2	-	20	84	-	1	2	-	3	1	
Daegu	-	-	1	7	6	-	-	1	-	2	3	-	27	3	-	15	19	-	1	-	-	-	1	-
Incheon	-	-	-	10	3	-	3	3	2	28	7	-	8	2	2	84	309	-	5	5	-	-	-	-
Gwangju	-	-	-	13	2	-	1	2	-	-	3	1	6	8	1	45	59	-	1	2	-	-	-	-
Daejeon	-	-	-	9	1	-	-	1	-	-	1	-	1	1	-	16	60	-	2	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	2	-	2	-	-	-	2	6	11	2	-	13	19	-	-	-	-	-	-	-
Sejong	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	-	24	18	2	7	6	2	10	20	-	8	3	5	334	652	1	7	5	-	2	1	
Gangwon	-	-	-	2	2	-	-	1	-	-	2	-	-	-	-	29	73	-	1	1	-	2	1	
Chungbuk	-	-	-	-	3	-	1	1	-	-	2	-	-	1	1	17	67	-	-	-	-	-	1	1
Chungnam	-	-	1	13	3	-	1	1	-	1	6	-	1	4	1	46	70	1	2	2	-	-	1	
Jeonbuk	-	-	-	8	1	-	1	1	-	4	2	-	-	1	-	54	89	-	-	-	-	-	-	-
Jeonnam	-	-	-	7	2	-	1	1	-	1	7	-	6	2	-	32	42	-	-	34	-	2	-	-
Gyeongbuk	-	-	1	10	7	-	2	1	-	-	3	-	-	2	-	20	25	1	9	1	-	3	1	1
Gyeongnam	-	-	-	53	19	-	1	2	-	-	7	-	1	1	-	17	33	-	1	2	-	2	2	2
Jeju	-	-	1	2	-	-	-	-	-	3	-	-	3	-	-	6	6	-	2	1	-	-	-	-

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year

* The reported data for year 2014 are provisional data but the data for years 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013 are finalized data (except for HIV/AIDS).

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

‡ Viral hepatitis A data on sentinel surveillance system changed to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010

§ Cum, 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Measles		Mumps		Rubella		Viral hepatitis B‡		Japanese encephalitis		Varicella		Malaria		Scarlet fever¶	
	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§
Total	11 558	48 414 13,604	4 759	28 33	92 2,921	1,388	1	442 24,979	19,190	41 390	626	72 3,758	588			
Seoul	3 122	1 36 1,438	607	3 4	6 281	110	-	36 2,080	1,798	10 58	82	4 375	72			
Busan	- 24	1 60 1,421	234	- 4	6 232	239	-	37 1,939	1,902	1 10	14	6 378	42			
Daegu	- 15	- 11 402	243	- 1	3 5 168	68	-	44 1,824	1,612	- 6	9	8 264	36			
Incheon	4 69	19 14 622	633	- -	1 11 253	132	-	26 1,624	1,598	5 78	91	2 121	40			
Gwangju	- 3	1 44 1,480	83	- 1	5 148	82	-	9 561	473	- 2	5	3 99	32			
Daejeon	- 27	- 4 303	348	- 1	- 19	7	-	5 697	378	- -	7	2 102	4			
Ulsan	1 7	- 14 322	189	- 1	2 141	66	-	15 635	755	- 2	4	- 81	17			
Sejong	- -	- - 32	12	- -	1 1 7	1	-	- 24	31	- -	-	1 5	3			
Gyeonggi	2 178	3 68 2,499	1,112	- 10	6 24 749	257	- 1	136 7,640	4,616	22 194	292	22 1,000	160			
Gangwon	- 6	- 12 475	270	- -	1 1 115	80	-	22 889	1,627	- 10	73	1 80	7			
Chungbuk	- 9	- 6 215	133	- 2	1 1 85	37	-	9 437	582	- 3	8	2 33	16			
Chungnam	- 15	- 29 537	169	- 3	3 104	28	-	17 1,380	577	- 4	6	6 178	24			
Jeonbuk	- 4	1 59 1,798	73	- 1	4 108	47	-	7 1,258	415	1 8	7	4 211	34			
Jeonnam	- 45	1 10 802	69	- -	1 5 162	57	-	26 971	587	- 1	6	1 144	3			
Gyeongbuk	1 27	- 10 373	184	- 6	2 1 79	69	-	11 1,055	689	- 5	10	4 269	62			
Gyeongnam	- 6	21 28 660	229	- -	2 14 251	93	-	34 1,351	932	2 7	10	5 349	30			
Jeju	- 1	- 9 225	171	- -	1 3 19	15	-	8 614	618	- 2	2	1 69	6			

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year

* The reported data for year 2014 are provisional data but the data for years 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013 are finalized data (except for HIV/AIDS).

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

‡ Viral hepatitis B data on sentinel surveillance system changed to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010

§ Cum, 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

¶ Data on scarlet fever included both cases of confirmed and suspected since September 27, 2012.

Table 2. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Meningococcal meningitis		Legionellosis		Vibrio vulnificus sepsis		Murine typhus		Scrub typhus		Leptospirosis		Brucellosis		Rabies					
	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§				
Total	2	4	15	17	9	9	1	5	9	12	235	168	4	4	3	11	17	-	-	
Seoul	-	1	-	3	5	-	1	-	1	2	-	6	11	-	-	-	-	-	-	-
Busan	-	-	3	2	-	1	-	-	1	-	11	12	-	-	-	-	-	-	-	-
Daegu	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	6	4	-	-	-	1	1	-	-	-
Incheon	-	-	1	-	-	1	-	-	1	-	4	8	-	-	-	-	-	-	-	-
Gwangju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	2	-	-	-	-	-	-	-	-
Daejeon	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	6	5	-	1	-	2	1	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	4	3	-	-	-	-	1	-	-	-
Sejong	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	1	1	-	3	3	-	1	1	1	2	1	25	28	-	2	1	-	1	-	-
Gangwon	-	-	-	2	3	-	-	-	-	-	5	6	-	-	-	-	1	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	4	4	-	-	1	3	1	-	-	-
Chungnam	-	1	-	-	1	-	1	-	1	1	10	15	-	-	1	-	2	-	-	-
Jeonbuk	-	-	-	1	1	-	1	-	-	1	39	21	-	-	-	1	3	-	-	-
Jeonnam	-	-	-	-	-	5	2	-	-	7	67	16	-	-	-	-	1	-	-	-
Gyeongbuk	-	-	-	1	1	-	-	-	1	1	13	11	-	-	1	2	2	-	-	-
Gyeongnam	-	-	-	1	1	-	1	2	-	-	24	18	-	1	-	-	2	-	-	-
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	3	-	-	-	1	2	1	-	-	-

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year

* The reported data for year 2014 are provisional data but the data for years 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013 are finalized data (except for HIV/AIDS).

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years

Table 2. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending August 9, 2014 (32th Week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Hemorrhagic fever with renal syndrome		Syphilis‡		CJD/vCJD‡		Dengue fever		Q fever		Lyme Borreliosis		Melioidosis		Tuberculosis							
	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2014	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2014	Current week	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2014						
Total	11	101	116	21	574	505	-	35	27	5	98	61	-	8	6	-	5	1	-	809	22,894	23,573
Seoul	-	4	8	4	98	74	-	5	6	1	20	18	-	-	2	-	-	1	-	171	4,682	4,850
Busan	1	1	5	1	36	42	-	2	2	1	9	4	-	-	-	-	-	1	-	65	1,738	1,969
Daegu	-	-	1	2	33	18	-	5	2	-	5	2	-	-	-	-	-	-	-	52	1,173	1,294
Incheon	-	2	5	2	37	59	-	3	1	-	4	4	-	-	-	-	-	-	-	34	1,199	1,212
Gwangju	-	-	1	-	6	19	-	-	1	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	12	535	592
Daejeon	-	2	2	-	13	9	-	-	1	-	5	3	-	-	-	-	-	-	-	14	552	593
Ulsan	-	-	1	-	21	6	-	1	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	14	479	536
Sejong	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	43	48
Gyeonggi	2	29	37	2	152	117	-	7	6	2	30	14	-	1	2	-	2	-	-	171	4,645	4,387
Gangwon	3	20	11	1	18	20	-	1	1	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	28	1,026	834
Chungbuk	2	9	7	4	24	14	-	1	1	-	1	2	-	-	1	-	-	-	-	17	644	739
Chungnam	1	4	9	2	27	13	-	2	2	-	2	2	-	2	1	-	-	-	-	42	989	958
Jeonbuk	-	10	6	-	11	17	-	-	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	33	820	930
Jeonnam	2	13	7	-	6	13	-	1	1	-	4	1	-	1	-	-	-	-	-	22	1,052	1,077
Gyeongbuk	-	3	13	-	38	20	-	6	1	-	7	1	-	2	-	-	-	-	-	66	1,598	1,669
Gyeongnam	-	2	3	3	39	42	-	1	1	-	7	4	-	1	-	-	-	-	-	47	1,486	1,627
Jeju	-	1	-	-	14	22	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	15	233	286

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year

* The reported data for year 2014 are provisional data but the data for years 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013 are finalized data (except for HIV/AIDS).

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

‡ Syphilis, CJD/vCJD data on sentinel surveillance system changed to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 3. Reported cases[†] of national sentinel surveillance disease in Republic of Korea, week ending AUGUST 2, 2014 (31th Week)*

unit: no. of cases

	Viral hepatitis			Sexually Transmitted Diseases											
	Hepatitis C			Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average [§]
Total	2.1	24.0	26.5	2.1	7.0	8.2	2.1	14.0	15.4	3.0	17.0	14.1	1.6	10.0	8.2

Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum, 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

주요 통계 이해하기

〈Table 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2014년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 「Current week」는 2014년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 「Cum, 2014」은 2014년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 「5-year weekly average」는 지난 5년(2009-2013년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 25주) 평균으로 계산된다. 그러므로 「Current week」과 「5-year weekly average」의 신고 건수를 비교하면 해당 주 단위 시점과 예년의 신고 수준을 비교해 볼 수 있다. 「Total no. of cases by year」는 지난 5년간 해당 감염병 현황을 나타내는 확정 통계이며 연도별 현황을 비교해 볼 수 있다.

예) 2014년 12주의 「5-year weekly average(5년간 주 평균)」는 2009년부터 2013년의 10주부터 14주까지의 신고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

$$* \text{5-year weekly average(5년 주 평균)} = (X_1 + X_2 + \dots + X_{25}) / 25$$

	10주	11주	12주 해당 주	13주	14주
2014년					
2013년	X1	X2	X3	X4	X5
2012년	X6	X7	X8	X9	X10
2011년	X11	X12	X13	X14	X15
2010년	X16	X17	X18	X19	X20
2009년	X21	X22	X23	X24	X25

〈Table 2〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 「Cum, 5-year average」와 「Cum, 2014」를 비교해 보면 최근까지의 누적 신고건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 신고건수와 비교가 가능하다. 「Cum, 5-year average」는 지난 5년(2009-2013년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다.

〈Table 3〉은 주요 표본감시 감염병에 대한 신고현황으로, 최근 발생양상을 신속하게 파악하는데 도움이 된다.

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, 주간 건강과 질병 PHWR

ISSN:2005-811X

PHWR Vol.7 NO.33

www.cdc.go.kr

「주간 건강과질병, PHWR」은 질병관리본부가 보유한 감시, 조사사업 및 연구자료에 대한 종합, 분석을 통한 근거에 기반하여 건강과 질병 관련 정보를 제공하고자 최선을 다할 것이며, 제공되는 원고의 내용은 질병관리본부의 입장과는 무관함을 알립니다.

주간 건강과질병에서 제공되는 감염병 통계는 『감염병의 예방 및 관리에 관한 법률』에 의거하여 국가감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기반으로 집계된 것이며, 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 것으로 확진결과가 나오거나 다른 병으로 확인된 경우 수정 및 변동 가능한 잠정 통계입니다.

동 간행물은 인터넷(<http://www.cdc.go.kr>)에 주간단위로 게시되며 이메일을 통해 정기적인 구독을 원하시는 분은 이름, 이메일, 주소, 연락처, 직업을 간단히 기입하여 oxsi@korea.kr로 신청하여 주시기 바랍니다.

주간 건강과질병에 대하여 궁금하신 사항은 oxsi@korea.kr로 문의하여 주시기 바랍니다.

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2014년 8월 14일

발 행 인 : 양병국

편 집 인 : 정충현

편집위원 : 윤승기, 최혜련, 박영준, 김윤아, 최영실, 김기순, 정경태, 최병선, 조신형, 조성범, 김봉조, 구수경, 김용우, 조은희, 박선희, 유석현, 조승희, 최수영

편 집 : 질병관리본부 감염병관리센터 감염병감시과

총북 청원군 오송읍 오송생명 2로 187 오송보건의료행정타운 (우)363-951

Tel. (043)719-7166, 7176 Fax. (043)719-7189

<http://www.cdc.go.kr>



질병관리본부