

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol. 13, No. 53, 2020

CONTENTS

역학 · 관리보고서

3712 급성설사원인체로서 원충감시의 필요성

3720 전장유전체 염기서열분석 유전형검사법(wgSNP)을 통한 결핵 집단발생의 감염경로 분석

만성질환 통계

3726 급성심장정지 환자의 생존율 및 뇌기능 회복률 추이, 2008~2019

감염병 통계

3728 환자감시 : 전수감시, 표본감시
병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스



급성설사원인체로서 원충감시의 필요성

질병관리청 감염병진단분석국 매개체분석과 주정원, 권지영, 서지예, 이희일*

*교신저자 : isak@korea.kr, 043-719-8560

초 록

배경 : 이질아메바, 람블편모충, 작은와포자충과 원포자충을 포함하는 원충은 사람에게서 설사를 일으키는 주요 원인병원체이다. 이들 원충 감염은 배설물에 오염된 음식과 물을 섭취하는 경로로 대부분 일어난다. 이 글에서는 급성설사환자 대상 원충 감염 현황과 장관감염원충 감시체계 필요성에 대해 보고하고자 한다.

방법 : 2019년 급성설사환자 2,598 검체에 대한 원충 4종 및 미포자충에 대한 검출을 위해 유전자 분석(polymerase chain reaction, PCR)을 수행하였다. 급성식중독 의뢰검체에 대해 쿠도아충 확인을 위해 특이유전자를 PCR법을 통해 검출하였다.

결과 : 2,598개 검체 중 10개 검체(0.38%)에서 장관감염 4종 원충 양성 확인되었다. 그 중 작은와포자충(*C. parvum*)과 원포자충(*C. cayetanensis*)이 각각 9개(0.35%), 1개(0.04%) 검체에서 검출되었다. 급성설사환자 94명에 대한 미포자충 검사에서 미포자충류는 29명(30.9%), 장관미포자충 6명(6.4%)에서 검출이 확인되었다. 쿠도아충(*K. septempunctata*) 감염 의심 식중독 70건 의심사례에서 총 178명의 검체가 의뢰되어 92명(51.7%)의 검체에서 쿠도아충 유전자가 검출되었다.

고찰 : 2019년 급성설사환자 대상 원충감염률은 외국의 경우와 비교하여 높지 않았다. 최근 국내에는 장관원충에 의한 집단감염 발생이 보고되지 않았지만, 외국 여행 및 농산물의 수입 증가로 감염위험은 상존하는 실정이다. 한편, 새로운 종류의 원충 국내감염이 급성설사환자에서 미포자충, 급성식중독 환자에서 쿠도아충이 각각 확인되었다. 장관감염원충에 의한 공중보건 위험 관리를 위해, 정확한 진단을 위한 검사방법을 고도화하고, 감시체계를 개선하는 노력을 지속해서 기울이고자 한다.

주요 검색어 : 급성설사환자, 원충, 유전자분석

들어가는 말

수인성·식품매개감염병은 병원체가 오염된 물이나 음식을 통해 주로 장관에 감염되어 설사 등의 증상을 일으키는 질환이며, 원인병원체로는 바이러스, 세균 및 원충 등이 포함된다. WHO 보고서에 따르면, 2010년 약 1억 4백만 건 설사질환의 원인병원체는 기생충이었으며, 그 중 원충이 원인인 경우는 절반인 약 7천7백만 건으로 확인되었다[1]. 원충은 단세포 진핵생물로 지구상에 약 45,000종이 존재하며, 그 중 숙주에 기생하면서 질환을 일으키는

원충은 8,000종이 있고 사람에게 영향을 미치는 것으로는 25종이 알려져 있다. 원충 감염은 소화관(장관), 중추신경계, 피부, 혈액, 성기관 등 다양한 조직에서 발생한다. 소화관에 감염되어 설사를 일으키는 원충은 장관감염 원충으로 분류되며 현재까지 세계적으로 8종 이상이 알려져 있으며, 주요하게 발생하고 있는 원충성질환은 4종(이질아메바, *Entamoeba histolytica*; 람블편모충, *Giardia lamblia*; 작은와포자충, *Cryptosporidium parvum*; 원포자충, *Cyclospora cayetanensis*)이 대표적이다[2]. 물을 통한 수인성 매개의 특성으로 개발도상국 등 공중보건의 취약한 지역에서 쉽게

노출되고 감염될 수 있어 여행자설사의 주요 원인병원체로 알려져 있다. 또한 원충감염은 급성장관염증을 유도하거나, 만성으로 진행하여 면역저하 시 발병하는 기회감염성 특징을 나타냄에 따라, AIDS환자 등 면역력이 약한 사람에게서는 심각한 합병증을 유발시킬 수 있는 병원체이다[3]. 질병관리청에서는 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」에 따라 4급 감염병으로 지정된 법정감염병 원충인 이질아메바, 람블편모충, 작은와포자충, 원포자충의 발생현황을 수인성·식품매개감염병 병원체감시사업(Enter-net)의 일환으로 급성설사환자들을 대상으로 조사해 오고 있다. 최근에는 비법정감염병인 미포자충, 쿠도아충 등 다른 종류 원충들에 의한 장관감염증 발생이 보고되고 있으며, 이에 대한 검사법의 개발과 실태조사가 이루어지고 있는 상황이다[4,5]. 외국에서는 설사환자에서 미포자충 감염사례가 지속적으로 보고되고 있어, 국내 급성설사환자를 대상으로 미포자충에 대한 유행정도를 조사하였다. 또한, 생식에 의한 식중독 사례에서 신종 원충의 원인병원체 가능성에 대한 보고가 있어, 급성 식중독 사례를 대상으로 쿠도아충 검출을 수행하고, 분자역학 조사를 수행하였다. 이 글에서는 이러한 최근의 원충 감시현황과 결과를 제시하고, 감시체계 필요성과 중요성을 설명하고자 한다.

몸 말

장관감염 원충 감시는 법정 감염병으로 분류된 4종 원충과 비법정 감염병인 신종 2종을 대상으로 장관감염증상을 나타내는 환자 검체에서 각 원충에 대한 특이 유전자를 검출하는 방법으로

수행하였다. 2019년 급성설사환자 검체는 2,598건이 수집되어 법정감염병 원충 4종 모두 검사를 수행하였으며, 이중 일부에 대해 미포자충 검출을 수행하였다.

2019년 급성설사환자 대상 법정 장관감염원충 검사결과, 총 검사건수 2,598건에 대해 작은와포자충 양성 9건(0.35%), 원포자충 양성 1건(0.04%)으로 전체적으로 낮은 검출양상(0.38%)을 확인하였다. 이질아메바와 람블편모충 감염은 모두 음성이었다. 이러한 결과는 2015년부터 2018년까지 급성설사환자 대상 법정 장관감염원충 평균검출률 0.97%와 비교하여, 낮은 상태의 감염현황을 유지하고 있음을 보여준다. 2019년 상대적으로 높은 감염이 확인된 작은와포자충에 대해 유전자형 분석을 통한 분자역학적 유행양상을 조사하였다. 작은와포자충은 사람간의 감염이 주요 특징인 *Cryptosporidium hominis*와 인수공통 감염이 주요 특징인 *C. parvum* 두 종류가 대표적이다[6]. 분석대상 유전자는 60 kDa의 당단백질에 대한 유전자인 GP60(60 kDa glycoprotein gene)이었으며, 유전자형 분석은 검체에서 GP60을 증폭한 후, 증폭산물의 염기서열 비교를 통해 수행하였다. 작은와포자충 9건에 대한 분자역학 분석결과, 모두 *C. parvum*으로 확인되었다. 유전자형은 IIaA17G2R1(4건/56%)이 가장 많았고, 다음으로 IIaA15G2R1(2건/22%)으로 나타났는데(표1), 이 결과를 포함한 최근 3년간 작은와포자충 양성 41건에 대한 유전자형 분석 결과의 발생양상도 IIaA17G2R1 24건(60%), IIaA15G2R1 6건(15%)으로 이 두 종류의 유전자형이 주로 발생하고 있음을 확인하였다(그림 1).

최근 분석법의 발달로 주요 4종 원충 외에 미포자충, 쿠도아충, 파울러자유아메바 등의 발생이 보고되고 있으며, 평균 수명 증가로 노년층이 많아지고, 다양한 질환에 노출되면서 치료 중 면역 억제,

표 1. 2019년 양성검체에서 60 kDa 당단백질 유전자 서열 분석을 통한 작은와포자충 유전형 분석

<i>Cryptosporidium</i> spp. 유전형	양성 검체수
II aA17G2R1	4
II aA15G2R1	2
II aA17G1R1	1
II aA15G2R1	1
II aA18G3R1	1

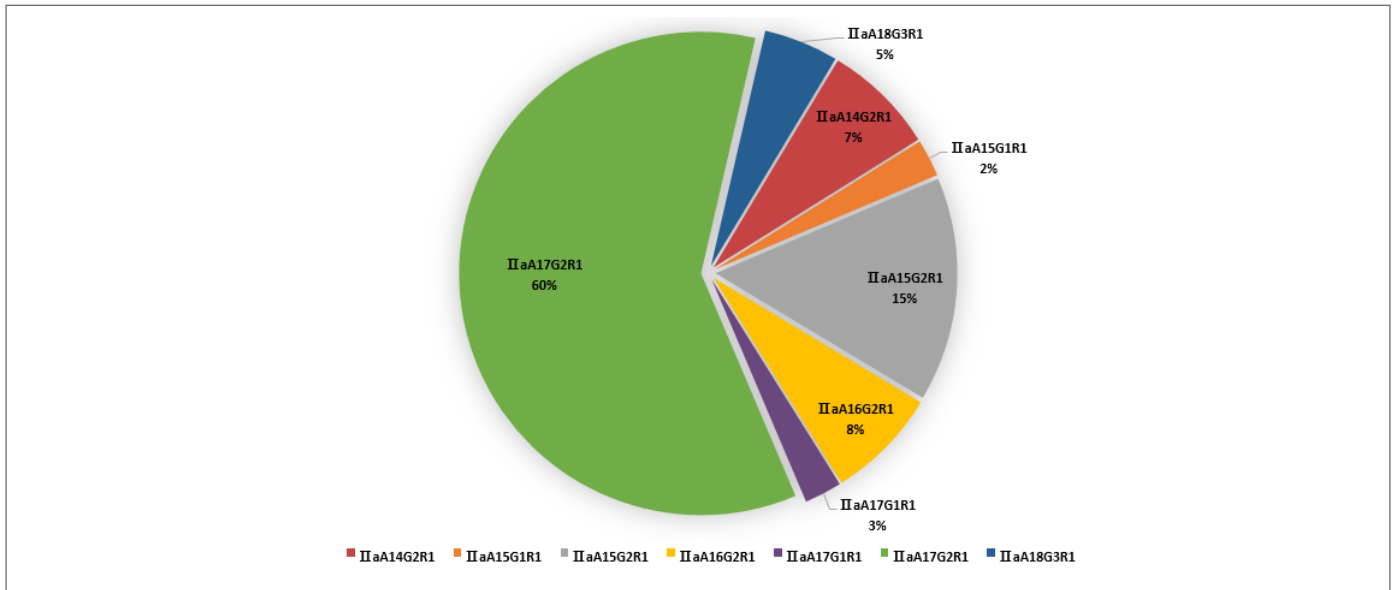


그림 1. 2017년부터 2019년까지 양성 검체에서 60 kDa 당단백질 유전자 서열 분석을 통한 작은와포자충 유전형 분석

저하 등이 동반되면서 기회감염병원체에 의한 증상 발현 가능성이 커지고 있다[4,5]. 최근 외국에서는 장관감염 원충 중 상대적으로 알려진 바가 적은 미포자충(Microsporidia)에 대한 감염현황 조사 및 관련연구가 진행되고 있다. 미포자충은 기회감염병원체로서, 감염된 종류나 경로에 따라서 다양한 임상증상을 나타낸다. 사람에게 감염되는 종은 약 15종으로 주요한 종은 *Encephalitozoon*속의 3종(*E. intestinalis*, *E. hellem*, *E. cuniculi*)과 *Enterocytozoon* 1종(*E. bieneusi*)이 알려져 있다. 국내 미포자충의 감염양상을 조사하기 위해, 급성설사환자 검체 94건을 대상으로 미포자충류

(Microsporidia spp.)과 장관미포자충(*E. intestinalis*)에 대한 유전자분석을 수행하였다. 그 결과 급성설사환자 94명 중 미포자충류(Microsporidia spp.)가 29명(30.9%)에서 검출되었고, 이 중 장관미포자충(*E. intestinalis*)이 6명(6.4%)에서 확인되었다. 미포자충류 유전자검출법은 장관미포자충을 포함한 미포자충 종류 공통 유전자를 검출한 것으로, 장관미포자충 이외의 다른 종류의 미포자충 존재를 확인할 수 있었다. 미포자충류 감염 양성률은 남성(58.6%)이 여성(41.4%)보다 높았으나, 장관미포자충의 감염률은 여성(66.7%)이 남성(33.3%)보다 2배 높은 것으로 나타났다(표 2).

표 2. 급성설사환자에서 미포자충류(Microsporidia spp.) 및 장관미포자충(*E. intestinalis*) 검출 결과

검체수	Microsporidia spp.		<i>E. intestinalis</i>	
	양성 (%)	양성 (%)	양성 (%)	
남자	51	17 (33.3)	49 (3.9)	
성별	여자	43	12 (27.9)	39 (9.6)
합계	94	29 (30.9)	88 (6.4)	

표 3. 2017년부터 2019년까지 쿠도아충(*K. septempunctata*) 확인 의뢰된 식중독 검체 현황 및 검출률

연도	사례수	양성 사례수(%)	검체수	양성 검체수(%)
2017	107	58 (55.1)	302	95 (31.5)
2018	109	60 (55.5)	306	119 (38.9)
2019	70	47(67.1)	178	92 (51.7)

최근 납치회 섭취 후 급성식중독 증상을 보이는 사례에 대한 감사의뢰가 증가하고 있다. 원인병원체로서 의심되고 있는 원충의 일종인 쿠도아충(*Kudoa septempunctata*)을 유전자 검사를 통해 검출하였다. 2019년 쿠도아충 감염 의심 식중독 발생 사례는 70건 감사의뢰 되었고, 그 중 47사례에서 쿠도아충이 양성으로 확인되어 67.1%의 검출양성률을 나타내었다. 전체 사례에 대해 총 178명의 검체를 검사한 결과 92명에서 쿠도아충 검출이 확인되었고, 51.7%의 양성률이 확인되었다. 최근 2년간 의뢰된 검체에서의 검출양성률 2017년 31.5%, 2018년 38.9%와 비교하여 증가한 것을 확인할 수 있었다(표 3). 쿠도아충의 유전자형은 ST1, ST2, ST3가 알려져 있는데, 이번에 검출된 쿠도아충은 모두 ST3에 해당되는 것으로 확인되었다.

맺는 말

세계적인 감염 발생 현황을 보면 원충 중에서 장관감염이 가장 많이 일어나는 종류는 작은와포자충, 이질아메바, 그리고 람블편모충이다[1]. 2010년 기준 세계질병부담보고서(GBD2010: Global Burden of Disease 2010)에 따르면, 작은와포자충 감염은 약 8백만 명, 이질아메바는 약 2백만 명 정도가 발생하는 것으로 추산되고 있다. 최근 보고한 2015년부터 2018년까지 우리나라에서 수인성·식품매개질환의 원인 병원체인 장관감염 원충 4종(작은와포자충, 람블편모충, 이질아메바, 원포자충)의 발생률은 평균 0.97%로 높지 않았는데, 2019년에도 급성설사질환자에서 원충 감염은 상대적으로 낮은 것으로 확인되었다. 국내의 장관감염 원충 집단감염 또한 2010년 람블편모충과 2012년 작은와포자충 각 1건씩 보고될 정도로 상대적으로 낮지만[7,8], 포자를 형성하여 환경 내에 생존이 강한 원충의 특성상 감염 위험성은 상존하고 있다고 말할 수 있다. 비록 최근의 팬데믹 상황으로 외국 여행 등이 큰 폭으로 감소하여 해외에서 원충에 감염되는 여행자 감염 기회는 낮아졌지만, 수입산 채소 등을 통한 대규모 급식 및 유통을 통해 감염될 가능성은 점점 증가하고 있다. 국내에서 유통되는 과일 및 채소에서 작은와포자충과 원포자충의 유전자 분석을 실시한 결과

부추나 깻잎, 당근, 체리토마토 등에서 검출되어 보고된 사례가 있다[9,10]. 이러한 위험 요인이 있는 만큼 장관감염 원충에 대한 감시체계를 유지하고, 검사방법을 고도화하여 검출한계를 높이는 노력이 필요하다. 이러한 노력의 일환으로 질병관리청에서는 2019년부터 “수인성 원충 검사 분석 과정”을 신설하여 전국 17개 보건환경연구원의 진단 능력 강화를 위한 교육을 운영하고 있다. 매년 장관감염 원충 검사·분석 교육을 통해 최신 검사법을 감시일선 기관에게 제공하고, 정도평가 등을 통하여 감시능력을 강화하고자 한다. 또한 검사 검출한계를 높이기 위해 질병관리청 매개체분석과에서는 장관감염 원충 3종 동시 검출이 가능한 다중 유전자 검사법(Multiplex Real-Time PCR)을 개발하였고, 표준검사법 승인을 받은 후 전국 보건환경연구원에 보급할 계획이다.

한편, 분자역학 분석을 통해 원인병원체 발생 및 감염경로 추적 등 유행양상을 감시하는 것이 중요한데, 2019년에 검출된 작은와포자충 양성은 9건으로 낮지만, 유전자분석결과 국내 유행하는 작은와포자충은 사람 간 전파가 주로 일어나는 *C. hominis*가 아닌 인수공통 감염의 특징을 나타내고, 산업선진국에서 주로 유행하는 것으로 알려진 *C. parvum*으로 모두 확인되었다. 이번 조사에서 확인된 *C. parvum*의 주요 유전자형은 미국에서 보고되는 작은와포자충 집단감염 사례들의 유전자형(IIaA17G2R1 3건, IIaA15G2R1 15건)과 비교했을 때 발생정도에서 차이는 있지만, 주요 유전자형이 발생은 동일하다는 점이 특징적이다[6].

법정감염병으로 감시체계를 운영하고 있는 이들 4종 외에도, 최근 장관감염을 일으킬 수 있는 가능성이 있는 원충 종들이 보고되고 있으며, 이에 대한 병원성 분석 및 감시체계 확대가 요구되고 있다. 장관미포자충(*Encephalitozoon intestinalis*)은 2015년 국내 급성설사환자의 검체에서 약 5%의 검출률이 보고된 바 있는 원충 종류이다[11]. 이번 조사에서도 급성설사환자 검체에서 검출률은 과거조사보다 약간 높은 6.4%로 나타나, 원인병원체로 유행할 가능성이 있는 것으로 확인되었다. 또한 장관미포자충 외에 다른 종류의 미포자충 유전자가 검출되었는데, 이러한 사실은 세계적으로 가장 많이 유행하는 장관감염 미포자충인 *Enterocytozoon bienueci* 등에 대한 분자역학적인 추가 조사 필요성을 시사한다. 또한, 지속적인 급성설사질환 감시에

미포자충을 포함시켜 원인병원체 규명률을 높이고, 병원체 관리 정책 반영을 위한 기초자료 확보가 필요하다.

2010년 일본에서 쿠도아충을 원인으로 추정하는 식중독 발생이 보고된 바 있는데[5], 국내에서도 식품매개 식중독 사례에 대한 역학조사를 진행하고 있다. 생식을 통한 식중독 증상자를 대상으로 법정 감염병 감시대상인 장관감염 병원체(세균, 바이러스 및 원충)검사와 동시에 쿠도아충의 유전자 검출을 진행하고 있으며, 조사사례에서 유의한 수준으로 검출되고 있는 실정이다. 질병관리청으로 식품매개에 의한 급성위장관염 증상자에서 쿠도아충 검사의뢰는 2017~2018년과 비교하였을 때 2019년 약 30%정도 감소하였는데, 이는 일부 지자체(17개 보건환경연구원 중 3곳)에서 쿠도아충 검사를 자체적으로 실시하고 있기 때문이다. 각 보건환경연구원에 의뢰된 검체 수와 양성률은 강원도 58명(6.9%), 인천 21명(76.2%), 충남 98명(8.2%)였다. 질병관리청 의뢰검체에서 쿠도아충 유전자 검출률은 상대적으로 크게 증가하였다. 증가 이유 중 하나는 각 보건소 등에서 증상자 검체를 발병 후 신속하게 수거한 노력의 결과를 고려할 수 있는데, 검출률을 높이는데 있어서 증상발현 후 검체 수집까지 24시간 이내에 이루어지는 것이 중요하기 때문이다[12]. 각 보건환경연구원의 검출률에서 차이를 나타낸 이유 중 하나로 검체 수집시간의 차이가 고려될 수 있다. 이것은 원인병원체 규명에 있어 검체 확보 단계의 중요성을 시사한다. 쿠도아충 양성 검체 52건에 대한 쿠도아충 *cox-1* 유전자형과 *m1* 유전자형 분석 결과, 모두 ST3로 확인되었으며, 이는 기존 연구에서 국내에서 확인되는 쿠도아충의 유전자형은 ST3가 유일하다는 보고와 동일한 결과를 보여주었다. 그러나 동물실험을 통한 병원성 확인 연구결과 등에서 차이가 있어, 병원성 원인체로서 감시체계에 포함시키기 위해서는 추가 연구가 필요한 상황이다.

현재까지의 감시체계를 통해 설사질환의 원인병원체로서 법정감염병에 포함되는 원충 4종의 발생은 낮은 수준임을 확인할 수 있었으나, 비교적 최근에 알려지기 시작한 미포자충 등 신종 원충에 의한 병원성 특성에 대한 조사와 감시가 필요함을 보여주고 있다. 질병관리청에서는 기존의 감시체계를 고도화하고 정확한 진단을 위하여 검출한계를 높이는 검사법 개선과 병원성 확인을 위한 과제 수행을 추진할 계획이다.

① 이전에 알려진 내용은?

2015년부터 2018년까지 원충에 의한 장관감염을 급성설사환자 대상으로 조사한 결과, 원충 검출률은 2015년 0.23%, 2016년 0.88%, 2017년 0.33%, 2018년 2.47%로 확인되었으며, 평균검출률은 0.97%(84건)로 나타났다. 양성검체 84건에 대한 원충 종류별 발생정도는 작은와포자충 64.3%(54건), 람블편모충 19.0%(16건), 원포자충 11.9%(10건) 및 이질아메바 4.8%(4건)로 확인되었다. 작은와포자충과 람블편모충의 양성이 전체의 83.3%(70건)를 차지하는 것으로 나타났다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2019년 급성설사환자 검체에서 법정감염병인 4종 원충의 발생은 낮지만, 미포자충의 감염이 상대적으로 높게 나타났으며, 급성위장관염을 호소하는 환자의 검체에서 쿠도아충 검출이 꾸준히 확인되었다.

③ 시사점은?

수인성, 식품매개를 통해 전파되는 원충 감염발생이 급성설사환자에게서 낮은 상태로 유지되는 점은 물관리, 식품관리에서 위험요인이 낮음을 보여준다. 그러나 비교적 덜 알려진 미포자충 등 새로운 종류의 검출과 생식을 통한 쿠도아충 등 신종 기생충질환 유행이 확인되고 있는 점은 추가적인 유행감시와 병원성 연구를 통한 위험성 판단이 필요함을 보여준다.

참고문헌

1. WHO 2015. WHO estimates of the global burden of foodborne diseases: foodborne disease burden epidemiology reference group 2007–2015. World Health Organization.
2. Andrew Hemphill, Norbert Muller and Joachim Muller. Comparative Pathology of the Intestinal Protozoa Parasites *Giardia lamblia*, *Entamoeba histolytica* and *Cryptosporidium parvum*. Pathogens. 2019;8:116. doi:10.3390/pathogens8030116.
3. Agholi, M., Hatam, G. R., & Motazedian, M. H. HIV/AIDS-associated opportunistic protozoal diarrhea. AIDS research and human retroviruses. 2013;29(1):35–41.
4. Franzen C. Microsporidia: A review of 150 years of research. The

Open Parasitology Journal. 2008;2:1–34.

5. Kawai, T., *et al.* Identification of *Kudoa septempunctata* as the causative agent of novel food poisoning outbreaks in Japan by consumption of *Paralichthys olivaceus* in raw fish. *Clinical Infectious Diseases*. 2012;54(8):1046–1052.
6. Xiao L., Feng Y. Molecular epidemiologic tools for waterborne pathogens *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis*. *Food and Waterborne Parasitology*. 2017;8(9):14–32.
7. Cho E. J., *et al.* A Waterborne Outbreak and Detection of *Cryptosporidium* Oocysts in Drinking Water of an Older High-Rise Apartment Complex in Seoul. *Korean J Parasitol*. 2013;51:461–466.
8. Cheun H. I., *et al.* The First Outbreak of Giardiasis with Drinking Water in Korea. *Osong Public Health and Research Perspectives*. 2013;4:89–92.
9. Sim, S., Won, J., Kim, J. W., Kim, K., Park, W. Y., & Yu, J. R. Simultaneous molecular detection of *Cryptosporidium* and *Cyclospora* from raw vegetables in Korea. *Korean J Parasitol*. 2017;55(2):137–142.
10. Hong, S., Kim, K., Yoon, S., Park, W. Y., Sim, S., & Yu, J. R. 2014. Detection of *Cryptosporidium parvum* in environmental soil and vegetables. *Journal of Korean Medical Science*. 2014;9(10):1367–1371.
11. Kim, K., Yoon, S., Cheun, H. I., Kim, J. H., Sim, S., Yu J. R. Detection of *Encephalitozoon* spp. from Human Diarrheal Stool and Farm Soil Samples in Korea. *Journal of Korean Medical Science*. 2015;30(3):227–232.
12. Kim, J. J., Ryu, S., Lee, H. Foodborne Illness Outbreaks in Gyeonggi Province, Korea, Following Seafood Consumption Potentially Caused by *Kudoa septempunctata* between 2015 and 2016. *Osong Public Health and Research Perspectives*. 2018;9(2):66–72.

Abstract

A Study on the Necessity of Monitoring Enteric Protozoa as a Cause of Acute Diarrhea

Ju Jung-Won, Kwon Ji-young, Seo Ji-hye, Lee Hee-il

Division of Vectors and Parasitic Diseases, Bureau of Infectious Disease Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Background: Protozoa containing *Entamoeba histolytica*, *Giardia lamblia*, *Cryptosporidium parvum* and *Cyclospora cayetanensis* are known to be the causative agents of diarrhea in humans. These protozoans are transmitted by the fecal-oral route and are infected commonly by the consumption of contaminated food and water. This study reported on the surveillance results of parasitic protozoans in patients with acute diarrhea and informed the necessity of monitoring enteric protozoa.

Methods: A total of 2,598 subjects with acute diarrhea were tested through the polymerase chain reaction (PCR) method to detect four species of protozoa including the detection of Microsporidia in some subjects. *Kudoa septempunctata* were analyzed through the PCR method in acute food poisoning subjects.

Results: From 2,598 subjects, 10 subjects (0.38%) were positive. Among these, *C. parvum* and *C. cayetanensis* was detected in 9 subjects (0.35%) and 1 subject (0.04%), respectively. Out of 94 acute diarrhea specimens, 29 (30.9%) subjects were found for Microsporidia spp. and 6 (6.4%) subjects for *E. intestinalis*. In 70 cases of food poisoning, 178 subjects were requested for *K. septempunctata* and 92 subjects (51.7%) were positive.

Conclusions: In 2019, the protozoa detection rate for patients with diarrhea in Korea was not high compared to other countries. Recently, there have been no outbreaks by enteric protozoa infection, but the risk of intestinal protozoa infection is rising due to overseas travel and increased imports of agricultural products. Furthermore, a new type of protozoan was identified in patients with acute diarrhea and in patients with food poisoning. For the risk management of intestinal protozoa infection, this study intends to improve detection methods for accurate diagnosis and plans to establish a more advanced surveillance system.

Keywords: Enteric Protozoa, Acute Diarrhea, Polymerase Chain Reaction (PCR)

Table 1. The gene subtypes of *Cryptosporidium* spp. based on sequences of the 60 kDa glycoprotein gene (GP60) in the positive cases in 2019

<i>Cryptosporidium</i> spp. subtypes	No. of positive cases
II aA17G2R1	4
II aA15G2R1	2
II aA17G1R1	1
II aA15G2R1	1
II aA18G3R1	1

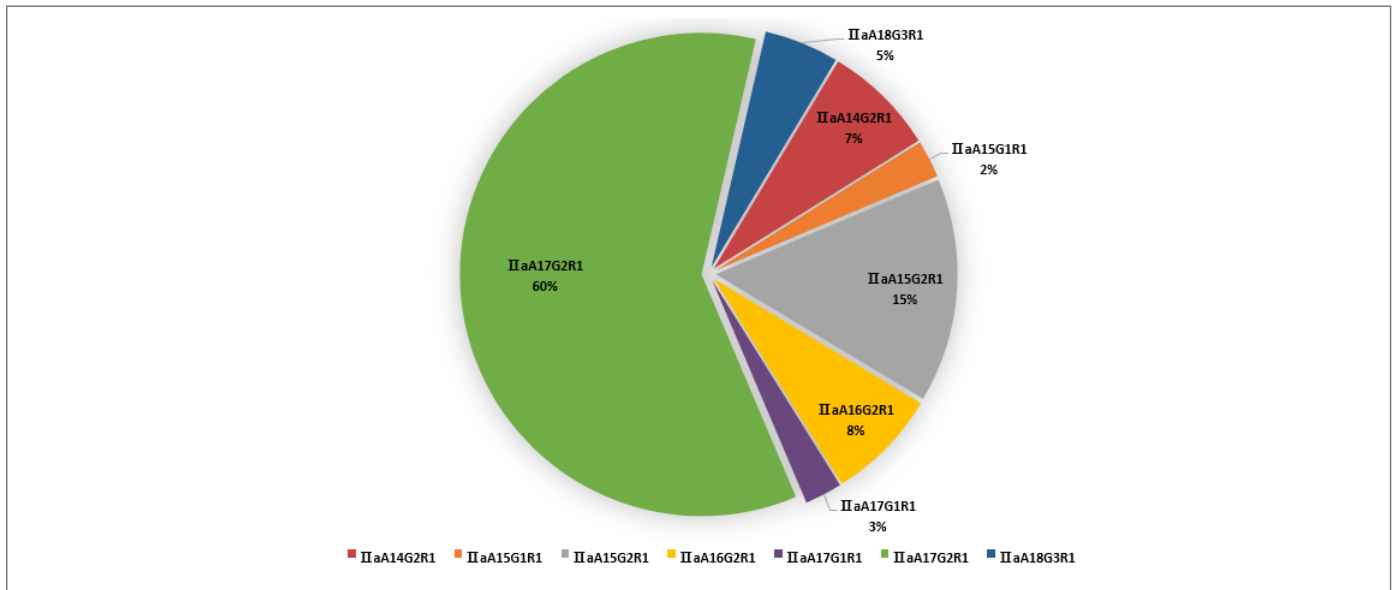


Figure 1. *Cryptosporidium* subtypes based on sequences of the 60 kDa glycoprotein gene (GP60) in 41 positive cases from 2017 to 2019

Table 2. The detection rate of Microsporidia spp. and *E. intestinalis* in samples of patients with acute diarrhea

	No. of specimens	Microsporidia spp.		<i>E. intestinalis</i>	
		No. of positive (%)	No. of positive (%)	No. of positive (%)	No. of positive (%)
Sex	Male	51	17 (33.3)	49 (3.9)	
	Female	43	12 (27.9)	39 (9.6)	
	Total	94	29 (30.9)	88 (6.4)	

Table 3. The test request status and detection rate of *Kudoa septempunctata* in samples suspected of food poisoning from 2017 to 2019

Year	No. of cases	No. of positive cases (%)	No. of specimens	No. of positive specimens (%)
2017	107	58 (55.1)	302	95 (31.5)
2018	109	60 (55.5)	306	119 (38.9)
2019	70	47(67.1)	178	92 (51.7)

전장유전체 염기서열분석 유전형검사법(wgSNP)을 통한 결핵 집단발생의 감염경로 분석

질병관리청 감염병진단분석국 세균분석과 송승은, 김동혁, 하지민, 전정훈, 황규잠*

*교신저자 : kyuhwang61@korea.kr, 043-719-8110

초 록

결핵의 집단발생 시 감염원 추적과 감염경로를 확인하기 위해 결핵균 유전형검사가 이용되고 있다. 기존 결핵균 유전형검사에는 Spoligotyping법과 24 유전자좌 MIRU-VNTR법을 사용하였으나, 변별력이 다소 떨어져 감염경로 추적에 어려움이 있었다. 질병관리청에서는 보다 변별력이 향상된 분석법으로 알려진 전장유전체 염기서열분석 유전형검사법(wgSNP)으로 대체하기 위해 2019년부터 시범 사업을 진행하고 있다.

본 글에서는 감염경로 확인이 불가능했던 집단발생 사례에 wgSNP법을 적용하여 감염경로를 재분석한 결과를 보고하고자 한다. 2015년부터 2018년 동안 국내 한 지역 내 4개 대학교에서 시행한 집단시설 역학조사를 통해 결핵균 11주를 수집하였다. 기존 유전형검사법으로 분석한 결과, 모든 균주의 유전형이 TBG0014로 동일한 것을 확인하였고, 역학적 연관관계 분석으로 집단감염으로 확인되었으나, 대학 간의 연관성은 확인되지 않았었다. 대학 간 연관성 분석을 위해 wgSNP법을 적용하여 분석한 결과, 각 대학교 내 결핵균주 간 유전자변이(SNP)는 0~1개로 확인되어 동일 감염원으로 발생되었음을 재확인하였으나, 대학 집단 간 유전자변이(SNP)는 196~264개로 3개 대학교에서 발생한 집단발생 사례는 서로 연관관계가 없는 것으로 확인하였다.

이 결과를 토대로, 집단시설 결핵역학조사의 분자역학검사법으로 wgSNP법을 적용하고자 하며 분석된 감염원 추적 등의 정보는 결핵 집단발생의 관리를 위해 제공하고자 한다.

주요 검색어 : 결핵, 유전형 분석, 전장유전체염기서열분석

들어가는 말

결핵은 *Mycobacterium tuberculosis* complex(MTBC)에 감염되어 유발되는 감염병으로, 전 세계적으로 연간 약 천만 명의 신환자가 발생하는 것으로 보고되고 있다. 국내의 경우 해마다 20,000여명 이상의 신환자가 보고되고 있어 결핵관리를 위한 적극적인 대응이 요구되고 있다. 결핵은 매개체 없이 공기감염(비말핵)을 통해 전파되며, 감염인의 약 5~10%가 활동성 결핵으로 이환된다. 활동성 결핵환자 중 약 50%는 감염 2년 내에 발병하며, 나머지 50%는 평생에 걸쳐 발병하기 때문에 통상적인 역학조사만으로는 감염원 추적과 감염경로 확인에 한계가 있다[1].

이러한 문제점을 극복하기 위해 미국, 영국 등 세계 여러 나라에서는 감염된 결핵균 간의 연관관계 확인을 위해 결핵균 유전형검사(TB molecular typing)를 활용하고 있다. 이 결과를 이용하여 결핵환자 간 감염경로 뿐 아니라 특정지역 또는 인구집단 내 유행주 확인, 동일 전파경로에 포함된 추가 환자 또는 역학적 연관성을 확인하지 못한 환자군에서 발생한 집단발생의 조기 인지, 결핵실험실 내 오염, 재발 및 재감염 환자 감별 등으로 확대 적용하고 있다. 우리나라에서는 2015년부터 결핵균 유전형검사를 적용하여 집단시설 결핵역학조사용 결핵균에 대한 연관성 분석을 위한 '결핵균 감염경로 추적감시망'을 운영하고 있다.

결핵균 유전형검사법은 1990년대 중반부터 IS6110-RFLP가

사용되다가 변별력, 재현성, 검사자의 생물안전, 분석기술의 발전 등으로 2000년대 중반부터 12, 15, 24 유전자좌 MIRU-VNTR(Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit-Variable Number Tandem Repeat)법과 Spoligotyping법이 활용되고 있다. 최근에는 전장유전체염기서열(whole genome sequencing, WGS) 분석법이 대중화됨에 따라 결핵균 유전형분석법에도 WGS를 활용하는 사례가 증가하고 있다[2]. WGS법을 활용한 유전형검사법으로는 전장유전체염기서열 내 단일염기다형성 분석법(Whole Genome Single Nucleotide Polymorphism analysis, wgSNP)이 있으며, 이 방법은 결핵균 전체 유전자(약 4.4Mb)의 90% 이상을 분석하기 때문에 기존 검사법(전체 유전자의 약 1%를 대상으로 분석)에 비해 변별력이 월등히 높은 장점을 가지고 있다[3].

본 글에서는 기존의 Spoligotyping과 24 유전자좌 MIRU-VNTR 검사법으로는 감염경로 확인이 불가능한 사례를 대상으로 wgSNP법을 적용하여 감염경로를 재분석한 결과를 소개하고자 한다.

목 말

결핵균 감염경로 추적감시망을 통해 2015년부터 2018년까지 3,167개 집단시설(학교, 직장, 의료기관 등)로부터 수집한 결핵균 3,461주를 대상으로 Spoligotyping법과 24 유전자좌 MIRU-VNTR법으로 분석한 결과, 일개 지역 내 4개 대학교에서 선별된 11주의 결핵균의 유전형이 TBG0014(Spoligotyping: Beijing clade, 24 유전자좌 MIRU-VNTR: 244233352644425173353823)로 동일한 것을 확인하였다(그림 1).

A 대학교에서는 지표환자(2015년)로부터 TBG0014형 1주가 수집되었고 추가환자는 없었다. B 대학교에서는 2016~2017년 사이에 7명의 환자가 발생하였고 동일 유전형임을 확인하였다. C 대학교에서 2017년 동일 유전형 1주가 분리되었고 역학조사 결과 B 대학교의 집단발생과 밀접접촉자로 확인되었다. D 대학교에서 2016년과 2018년에 동일 유전형을 가진 결핵균이 각각 1주씩 분리되었고, 역학조사 결과 학내 전파로 확인되었다. B 대학교와 C 대학교 간의 역학적 연관관계는 확인되었으나, 다른 학교 간의 연관관계는 확인되지 않은 상태였다.

wgSNP 결과, 11개의 TBG0014는 A 대학교, B와 C 대학교, D 대학교의 3개 집단으로 구분되었다. 각 집단 내 결핵균 간 유전자 변이 개수(SNP)는 0~1개로 확인되었고, A 대학교와 B 대학교 간 SNP는 264개였으며, A 대학교와 D 대학교 간의 SNP는 196개였다.

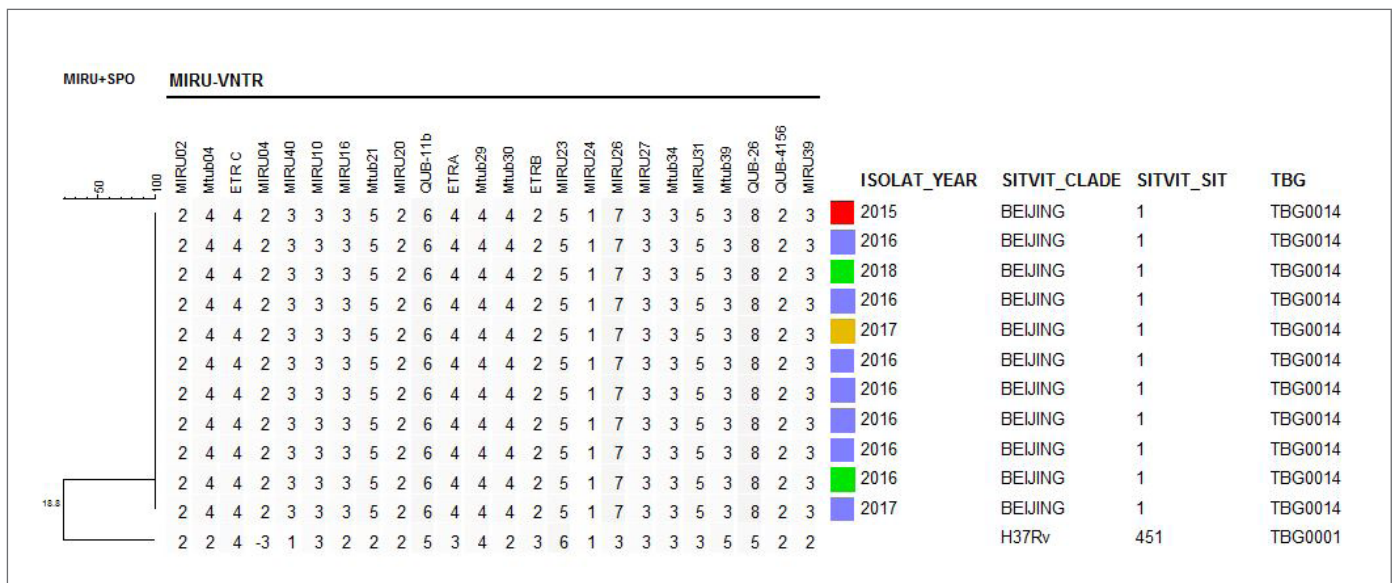


그림 1. 동일 지역 내 발생한 결핵균의 Spoligotyping과 24 유전자좌 MIRU-VNTR 분석을 통한 유전형 분석결과

* 역학조사 사례에 따라 색을 달리하여 표시함. 붉은색 : A대학교, 보라색 : B 대학교, 황색 : C 대학교, 초록색 : D 대학교

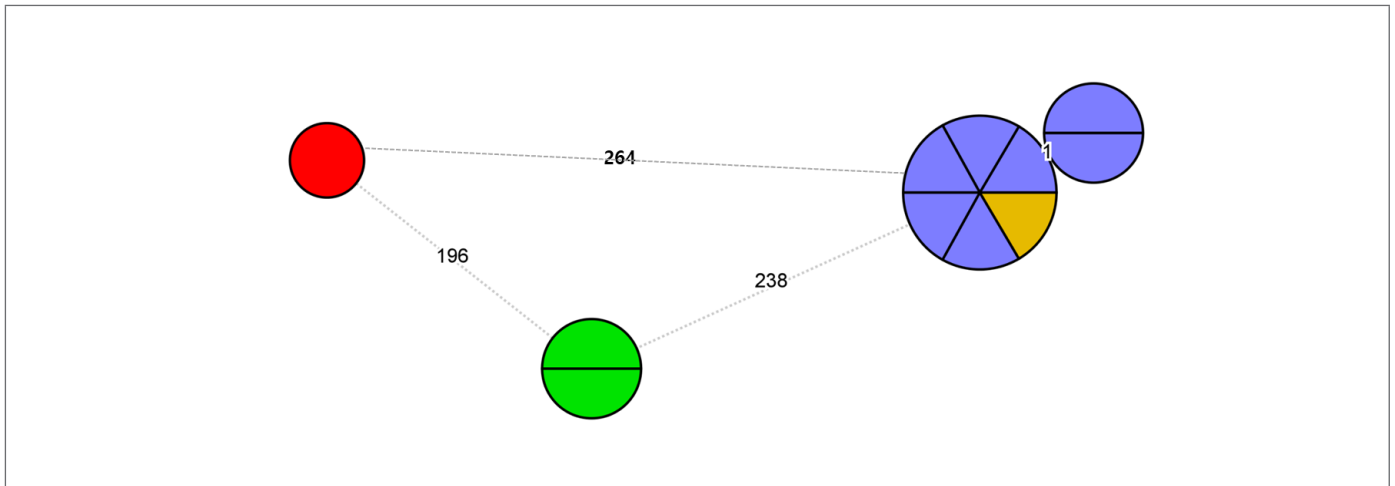


그림 2. TBG0014를 wgSNP를 통해 분석한 최소 신장트리

*숫자는 SNPs를 나타내며, 역학조사 사례에 따라 원의 색을 달리하여 표시. 붉은색 : A대학교, 보라색 : B 대학교, 황색 : C 대학교, 초록색 : D 대학교

마지막으로 B대학교와 D 대학교 간의 SNP는 238개였다(그림 2).

wgSNP를 통해 분석한 TBG0014 균주들은 역학적 연관관계와 동일한 양상으로 구분되어 기존 검사법보다 높은 변별력을 보이는 것을 확인하였다.

맺는 말

결핵균 유전형검사는 기존 역학조사만으로 확인하지 못하는 결핵균의 감염경로를 분석하여 접촉자 관리, 인수공통 결핵 및 다제내성 결핵균의 발생과 전파 확인 등 보다 정교한 결핵균 전파경로 분석을 가능하게 하고 있다.

Spoligotyping법과 24 유전자좌 MIRU-VNTR 검사법 결과, 여러 균주가 동일한 유전형(genomic cluster)을 보이는 사례를 해석하기 위해서는 역학적 연관관계를 확인해야 한다. 역학적 연관관계를 가지면서 유전형이 동일한 경우, 최근감염으로 분석이 가능하다. 하지만, 동일한 유전형을 가지나 역학적 연관관계를 보이지 않을 때는 결과 분석이 불가능하기 때문에 심층 역학조사(cluster investigation)를 수행하거나 보다 변별력 높은 검사법을 통한 분석이 필요하다. 결핵균 전장유전체염기서열 분석은 기존의 검사법에 비해 변별력을 크게 증가시킨 동시에 항결핵제

내성검사를 동시에 수행할 수 있는 장점을 가지고 있다. 이에 2016년 영국을 필두로 미국 등 여러 국가에서 전장유전체염기서열분석을 결핵균 유전형검사법으로 활용하고 있으며, 국내에서도 결핵균 유전형검사법인 wgSNP를 도입하기 위한 사업을 진행하고 있다. wgSNP 결과데이터를 분석하기 위한 공식적인 기준값은 없으나 미국에서는 5개, 영국에서는 12개 이내의 SNP 차이를 동일 감염경로 내 전파로 추정하고 있다[4,5].

국내 동일 지역 내 genomic cluster를 대상으로 wgSNP를 수행하였을 때, 집단발생과 관련한 균주 간의 SNP는 1개 이내로 확인되었고, 역학적 연관성을 가지지 않는 경우의 SNP는 196개 이상으로 wgSNP법을 적용하여 기존 검사법으로 확인이 불가능한 감염경로 분석이 가능하였다. 향후 집단시설 결핵역학조사 사례분석을 목적으로 wgSNP 기준값 설정을 위한 지속적인 분석을 수행할 예정이다. 또한, 다제내성 결핵, 소아 결핵 등 공중보건학적인 파급력이 큰 집단을 대상으로 wgSNP법을 적극적으로 확대해 나갈 계획이며, 감염원 추적 등의 유전체 분석정보는 결핵 집단발생의 관리를 위해 지속적으로 제공하고자 한다.

① 이전에 알려진 내용은?

결핵균 감염경로 확인을 위해 유전형검사법이 사용되고 있다. 전장유전체 염기서열분석법을 활용한 결핵균 유전형검사법(wgSNP)은 기존 검사법(Spoligotyping과 24 유전자좌 MIRU-VNTR) 대비 향상된 변별력을 가지고 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

기존 결핵균 유전형검사법(Spoligotyping과 24 유전자좌 MIRU-VNTR)으로 분석이 불가능한 동일 유전형을 가진 군주(genomic cluster)를 대상으로 wgSNP를 수행한 결과, 집단에 따라 군주의 유전형이 구분되는 것을 확인하였고 이는 역학적 연관관계와 연관이 있는 것을 확인하였다.

③ 시사점은?

집단시설 결핵역학조사의 분자역학검사법으로 wgSNP법을 적용하고자 하며 분석된 감염원 추적 등의 정보는 결핵 집단발생의 관리를 위해 제공하고자 한다.

참고문헌

1. WHO. Global tuberculosis report 2018, 2019.
2. Dario GDV and Laura P-L. The Evolution of Genotyping Strategies to Detect, Analyze, and Control Transmission of Tuberculosis. *Microbiol Spectrum*. 2016;6(5). doi: 10.1128/microbiolspec.MTBP-0002-2016.
3. CDC. <http://www.cdc.gov/tb/programs/genotyping>
4. Maeve KL, *et al*. The use of whole-genome sequencing in cluster investigation of an MDR-TB outbreak. *Eur Respir J*. 2018;51(6):1702323
5. Casali N, *et al*. Whole genome sequence analysis of a large isoniazid-resistant tuberculosis outbreak in London: a retrospective observational study. *Plos Med*. 2016;13:e1002137.

Abstract

The use of whole genome single nucleotide polymorphisms (wgSNP) analysis in cluster investigation of tuberculosis outbreak cases

Song Seung-Eun, Kim Dong Hyeok, Ha Jee Min, Chun Jeong-Hoon, Hwang Kyu Jam

Division of Bacterial Diseases, Bureau of Infectious Disease Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Mycobacterium tuberculosis (M.tb) is a species of pathogenic bacteria in the family Mycobacteriaceae and the causative agent of tuberculosis. Understanding the dynamics of M.tb disease transmission through complex genotyping is critical to creating policies and monitoring the disease with the end goal of TB elimination. Current genotyping methods combine the results of two assays, spoligotyping and *Mycobacterium tuberculosis*-specific multiple locus (Variable Number of Tandem Repeats (MIRU-VNTR),) to give an M. tuberculosis TBG type. However, whole genome single nucleotide polymorphism (wgSNP) analysis was used to determine the genetic relatedness between strains is a preferred method due to its improved discrimination.

Between 2015 and 2018, a total of 11 strains were collected through TB contact investigation by four universities in a region in Korea. Analysis of spoligotyping and 24-loci MIRU-VNTR showed that all strains were of the same genotype, namely TBG0014. Patients at each university had an epidemiologic link, confirming that the event was an outbreak, but epidemiological relationships between universities could not be identified. In each outbreak case, the number of SNPs between tuberculosis strains was 0-1, but the number of SNPs between universities was 196-264.

A wgSNP analysis was performed to explore the genetic relationship between TB isolates that could not be confirmed through conventional methods. As a result, there were 0-1 SNPs between TB isolates in the outbreak. The number of SNPs between TB cases at the three universities was 196-264, and it was identified that there were no transmission cases among universities.

A wgSNP analysis recommend performed to assess the potential of recent transmission and this information will be provided to the national TB management program.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, molecular typing, wgSNP

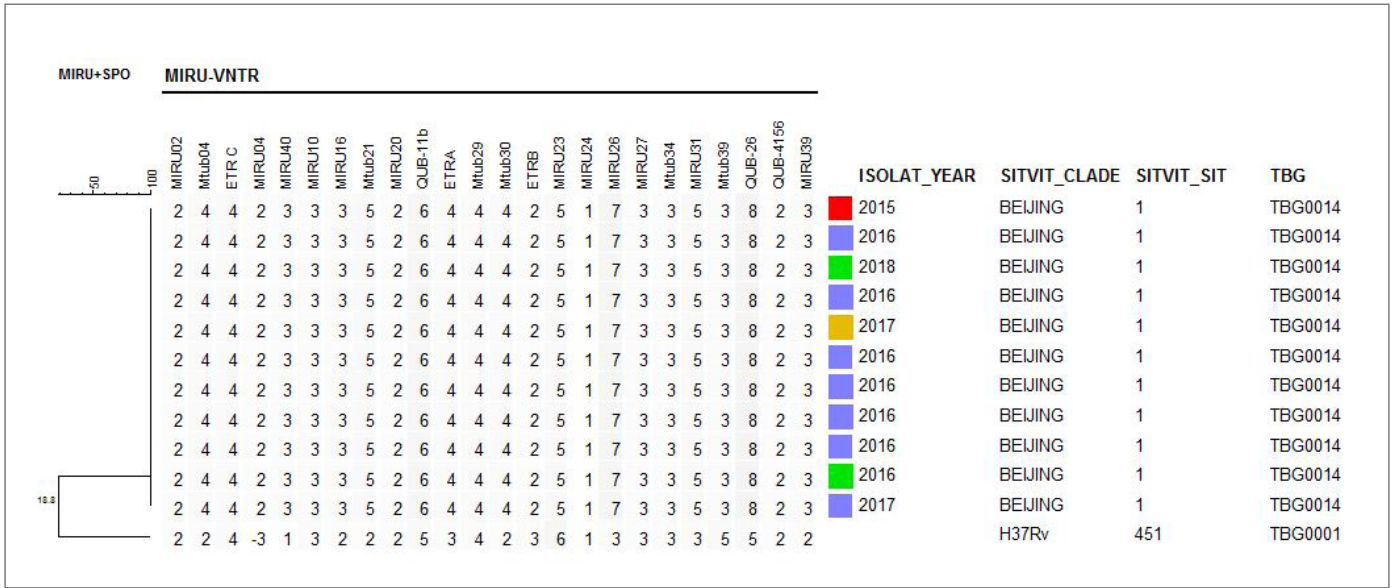


Figure 1. Phylogenetic tree of TBG0014 derived from Spoligotyping and 24-loci MIRU-VNTR
 *Colored square reflect according to TB epidemiological investigation case. Red: A university, Purple: B university, Yellow: C university, Green: D university

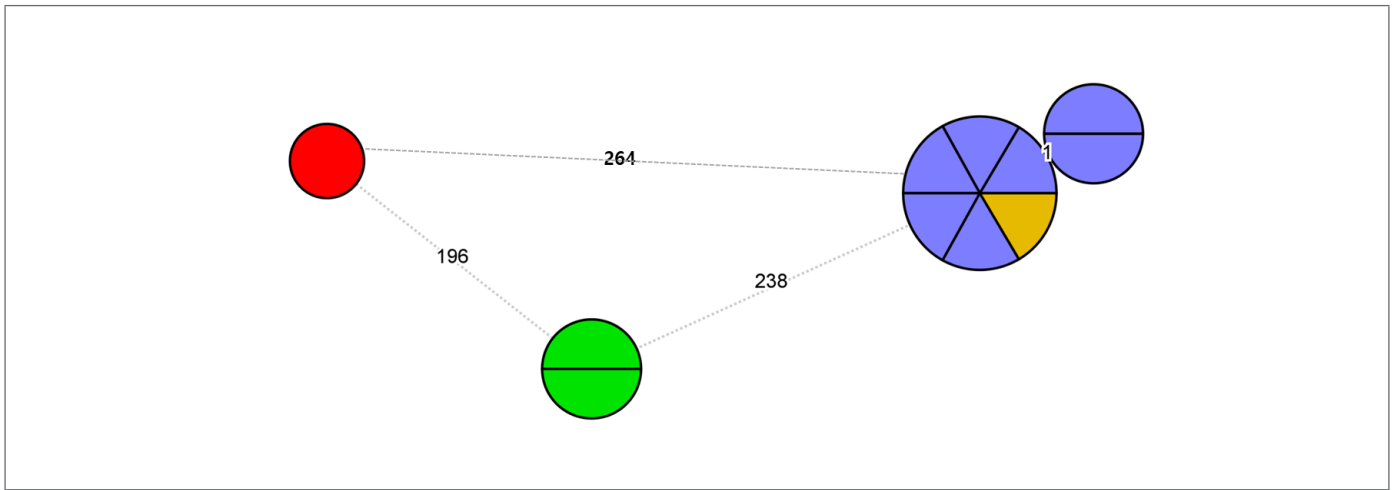


Figure 2. Minimum spanning tree of TBG0014 derived from wgSNP
 *The number indicates the SNPs and colored rings display according to TB contact tracing case. Red: A university, Purple: B university, Yellow: C university, Green: D university

급성심장정지 환자의 생존율 및 뇌기능 회복률 추이, 2008~2019

◆ 급성심장정지 환자의 생존율은 2008년 2.5%에서 2019년 8.7%로 3.5배(6.2%p) 증가하였고, 뇌기능 회복률은 2008년 0.8%에서 2019년 5.4%로 6.8배(4.6%p) 증가하였음(그림 1).

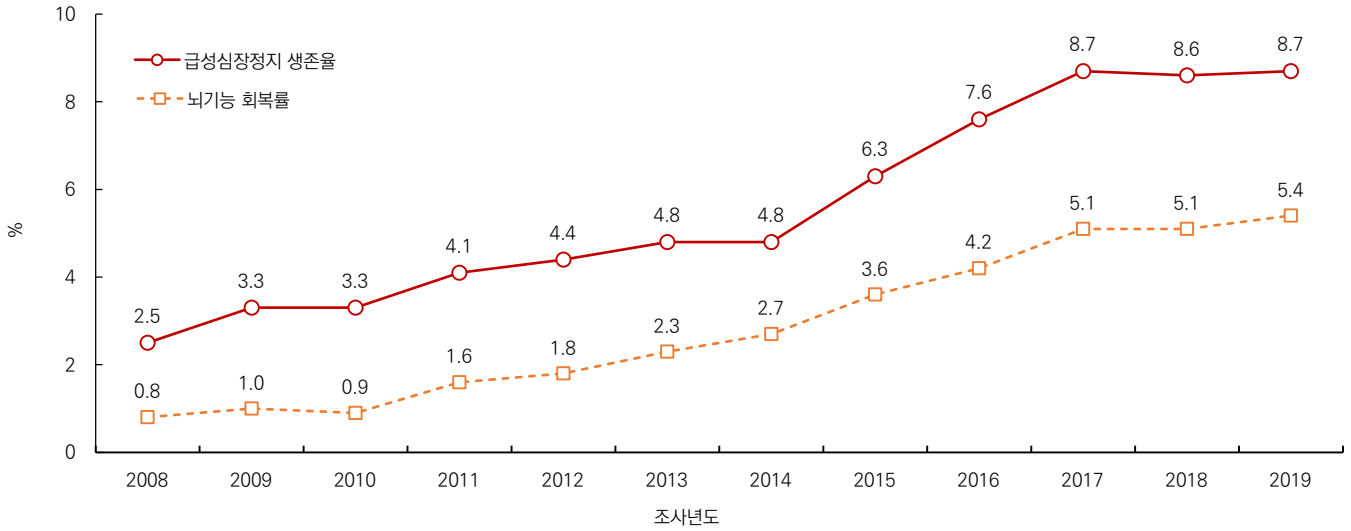


그림 1. 급성심장정지 환자의 생존율 및 뇌기능 회복률 추이, 2008~2019

* 급성심장정지: 심장활동이 심각하게 저하되거나 멈춘 상태를 말함

† 급성심장정지 생존율: 급성심장정지 환자 중 생존(응급실 진료결과 퇴원이거나 입원 후 결과가 퇴원, 자의퇴원, 전원)한 경우의 분율

‡ 뇌기능 회복률: 급성심장정지 환자 중 퇴원 당시 혼자서 일상생활이 가능할 정도로 뇌기능이 회복된 환자의 분율

출처 : 급성심장정지조사, <http://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20601030501>

작성부서 : 질병관리청 건강위해대응관 손상예방관리과

Noncommunicable Disease (NCD) Statistics

Trends of Survival and Neurological Recovery in Sudden Cardiac Arrest Patients, 2008–2019

◆ In patients with sudden cardiac arrest, the survival rate increased 3.5 fold (6.2%p) from 2.5% in 2008 to 8.7% in 2019, and the rate of neurological recovery increased 6.8 folds (4.6%p) from 0.8% in 2008 to 5.4% in 2019 (Figure 1).

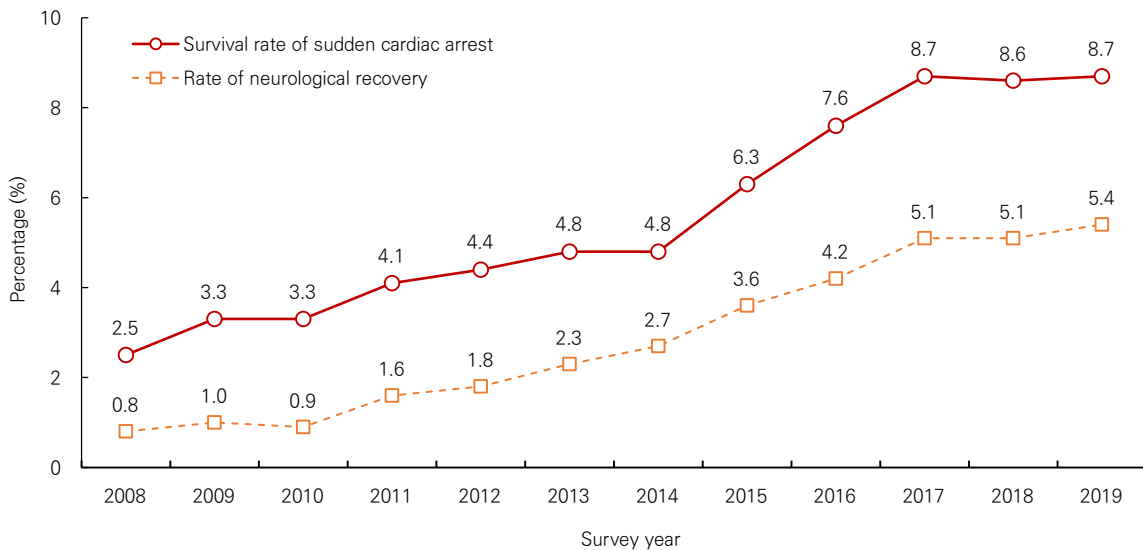


Figure 1. Trends of Survival and Neurological Recovery in Sudden Cardiac Arrest Patients, 2008–2019

* Sudden cardiac arrest: status of severely impaired or ceased activity of the heart

† Survival rate of sudden cardiac arrest: proportion of survived cases (with the survival defined as discharge at the emergency room, or discharge, voluntary discharge, or transfer after admission)

‡ Rate of neurological recovery: proportion of patients who sufficiently recovered to achieve independence with the tasks of daily living among patients with sudden cardiac arrest

Source: Sudden Cardiac Arrest Survey, <http://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20601030501>

Reported by: Division of Injury Prevention and Control, Korea Disease Control and Prevention Agency

주요 감염병 통계

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (52주차)

표 1. 2020년 52주차 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)*

단위 : 보고환자수[†]

감염병*	금주	2020년 누계	5년간 주별 평균 [‡]	연간현황					금주 해외유입현황 : 국가명(신고수)
				2019	2018	2017	2016	2015	
제2급감염병									
결핵	336	20,061	377	23,821	26,433	28,161	30,892	32,181	
수두	248	31,804	2,397	82,868	96,467	80,092	54,060	46,330	
홍역	0	7	0	194	15	7	18	7	
콜레라	0	0	0	1	2	5	4	0	
장티푸스	1	74	3	94	213	128	121	121	
파라티푸스	1	96	1	55	47	73	56	44	
세균성이질	1	43	2	151	191	112	113	88	
장출혈성대장균감염증	4	319	1	146	121	138	104	71	
A형간염	24	3,489	56	17,598	2,437	4,419	4,679	1,804	
백일해	1	130	9	496	980	318	129	205	
유행성이하선염	107	10,107	287	15,967	19,237	16,924	17,057	23,448	
풍진	0	2	0	8	0	7	11	11	
수막구균 감염증	0	5	0	16	14	17	6	6	
폐렴구균 감염증	3	337	14	526	670	523	441	228	
한센병	0	3	0	4					
성홍열	14	2,358	294	7,562	15,777	22,838	11,911	7,002	
반코마이신내성황색 포도알균(VRSA) 감염증	0	9	-	3	0	0	-	-	
카바페넴내성장내세균 속군중(CRE) 감염증	132	16,104	-	15,369	11,954	5,717	-	-	
E형간염	1	172	-	-	-	-	-	-	
제3급감염병									
파상풍	0	31	1	31	31	34	24	22	
B형간염	3	345	7	389	392	391	359	155	
일본뇌염	0	6	0	34	17	9	28	40	
C형간염	76	11,258	211	9,810	10,811	6,396	-	-	
말라리아	0	376	2	559	576	515	673	699	
레지오넬라증	1	284	6	501	305	198	128	45	
비브리오패혈증	0	70	0	42	47	46	56	37	
발진열	1	25	0	14	16	18	18	15	
쯔쯔가무시증	12	4,174	75	4,005	6,668	10,528	11,105	9,513	
렙토스피라증	1	170	2	138	118	103	117	104	
브루셀라증	0	7	0	1	5	6	4	5	
신증후군출혈열	1	263	11	399	433	531	575	384	
후천성면역결핍증(AIDS)	14	784	49	1,005	989	1,008	1,060	1,018	
크로이츠펠트-야콥병(CJD)	2	71	1	53	53	36	42	33	
뎅기열	0	43	4	273	159	171	313	255	
큐열	1	70	1	162	163	96	81	27	
라임병	0	7	0	23	23	31	27	9	
유비저	0	1	0	8	2	2	4	4	
치쿤구니야열	0	1	0	16	3	5	10	2	
중증열성혈소판감소 증후군(SFTS)	0	242	0	223	259	272	165	79	
지카바이러스감염증	0	0	-	3	3	11	16	-	

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계이며, 2020년 누계는 1주부터 금주까지의 누계를 말함

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 미포함 질병: 에볼라바이러스병, 마버그열, 라싸열, 크리미안콩고출혈열, 남아메리카출혈열, 리프트밸리열, 두창, 페스트, 탄저, 보툴리눔독소증, 야토병, 신종감염병중후군, 중증급성호흡기증후군(SARS), 중동호흡기증후군(MERS), 동물인플루엔자 인체감염증, 신종인플루엔자, 디프테리아, 폴리오, b형헤모필루스인플루엔자, 발진티푸스, 공수병, 황열, 웨스트나일열, 진드기매개뇌염

§ 최근 5년(2015~2019년)의 해당 주의 신고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 신고 건수(총 29주) 평균임

표 2. 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	결핵			수두			홍역			콜레라		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡
전국	336	20,061	28,236	248	31,804	71,339	0	7	47	0	0	2
서울	57	3,510	5,195	0	3,617	8,439	0	2	7	0	0	0
부산	14	1,286	1,969	8	1,712	3,773	0	0	2	0	0	1
대구	16	975	1,315	11	1,564	3,671	0	0	4	0	0	0
인천	16	1,019	1,482	20	1,664	3,686	0	0	2	0	0	0
광주	8	500	692	23	1,400	2,530	0	0	0	0	0	0
대전	10	431	636	9	1,020	1,974	0	0	5	0	0	0
울산	7	375	578	9	674	1,993	0	0	1	0	0	0
세종	2	93	88	3	284	709	0	0	0	0	0	0
경기	79	4,360	6,065	77	8,445	20,182	0	3	15	0	0	0
강원	16	857	1,196	5	950	1,885	0	0	1	0	0	0
충북	14	627	867	15	1,212	1,845	0	0	0	0	0	0
충남	18	1,021	1,337	7	1,192	2,656	0	0	2	0	0	0
전북	12	825	1,088	8	1,261	3,060	0	0	1	0	0	0
전남	11	1,049	1,474	16	1,266	2,997	0	1	2	0	0	0
경북	28	1,504	2,031	0	1,673	3,752	0	0	3	0	0	0
경남	25	1,364	1,873	24	3,123	6,473	0	1	2	0	0	1
제주	3	265	351	13	747	1,714	0	0	0	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	장티푸스			파라티푸스			세균성이질			장출혈성대장균감염증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡
전국	1	74	134	1	96	55	1	43	128	4	319	114
서울	0	8	25	0	10	11	0	7	33	0	26	17
부산	0	6	11	0	25	7	0	6	8	0	9	3
대구	0	3	4	0	7	2	0	0	8	0	9	5
인천	0	5	7	0	5	2	0	2	11	0	8	9
광주	0	1	3	0	3	2	0	2	3	3	20	16
대전	0	3	7	0	1	2	0	0	3	1	9	2
울산	0	1	3	0	0	0	0	3	1	0	6	4
세종	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1
경기	0	20	30	0	14	11	0	8	24	0	149	21
강원	0	8	4	1	6	2	0	1	2	0	6	4
충북	1	2	4	0	1	2	0	1	3	0	4	4
충남	0	6	6	0	4	1	0	3	6	0	10	3
전북	0	2	3	0	0	3	1	2	3	0	2	3
전남	0	0	7	0	9	3	0	3	7	0	15	8
경북	0	2	5	0	3	2	0	1	6	0	19	4
경남	0	6	11	0	5	4	0	4	8	0	11	5
제주	0	1	3	0	3	1	0	0	2	0	14	5

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제2급감염병											
	A형간염			백일해			유행성이하선염			풍진		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	24	3,489	6,158	1	130	423	107	10,107	18,486	0	2	7
서울	0	649	1,150	0	16	55	0	1,189	1,874	0	0	2
부산	0	83	213	0	6	37	2	538	1,140	0	1	0
대구	0	74	96	0	5	14	2	416	650	0	0	0
인천	5	380	424	0	6	23	3	501	809	0	0	0
광주	0	62	104	0	10	21	8	350	1,056	0	0	0
대전	4	138	666	0	7	8	10	297	438	0	0	1
울산	1	33	41	0	2	12	8	294	612	0	0	0
세종	2	21	97	0	0	7	1	70	79	0	0	0
경기	0	1,150	1,867	0	23	65	32	3,028	4,667	0	1	1
강원	0	91	114	0	1	4	4	332	596	0	0	0
충북	2	114	298	0	0	10	4	304	403	0	0	0
충남	4	257	459	0	4	11	9	467	735	0	0	0
전북	2	182	242	0	3	9	2	438	1,132	0	0	0
전남	2	56	113	0	21	22	7	411	862	0	0	1
경북	0	98	116	0	9	29	0	473	928	0	0	1
경남	2	74	128	1	16	89	12	824	2,270	0	0	1
제주	0	27	30	0	1	7	3	175	235	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제2급감염병						제3급감염병					
	수막구균 감염증			성홍열			파상풍			B형간염		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	0	5	12	14	2,358	12,932	0	31	29	3	345	334
서울	0	1	4	0	330	1,689	0	2	3	0	51	58
부산	0	0	1	0	134	904	0	3	2	0	18	22
대구	0	0	1	0	43	451	0	1	2	0	13	11
인천	0	1	1	0	117	609	0	0	1	0	18	19
광주	0	0	0	6	309	639	0	1	1	1	8	7
대전	0	0	0	1	91	480	0	0	1	0	13	11
울산	0	0	0	2	85	560	0	0	1	0	7	9
세종	0	0	0	0	13	69	0	1	0	0	2	0
경기	0	2	2	0	586	3,768	0	3	3	1	94	82
강원	0	0	1	2	56	202	0	1	1	0	14	10
충북	0	0	0	0	36	248	0	3	1	0	11	13
충남	0	0	0	0	77	575	0	6	2	1	17	17
전북	0	0	0	1	60	445	0	4	1	0	18	18
전남	0	0	0	1	106	503	0	2	4	0	18	16
경북	0	1	1	0	84	660	0	2	3	0	9	18
경남	0	0	1	1	171	981	0	2	3	0	31	20
제주	0	0	0	0	60	149	0	0	0	0	3	3

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제3급감염병											
	일본뇌염			말라리아			레지오넬라증			비브리오패혈증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	0	6	25	0	376	603	1	284	231	0	70	45
서울	0	0	8	0	55	87	0	82	69	0	11	6
부산	0	0	0	0	2	8	1	18	12	0	6	4
대구	0	0	2	0	3	7	0	5	8	0	0	1
인천	0	0	1	0	51	88	0	12	19	0	6	3
광주	0	0	1	0	5	4	0	11	3	0	1	1
대전	0	0	1	0	4	4	0	6	2	0	0	1
울산	0	0	0	0	3	4	0	0	3	0	1	1
세종	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
경기	0	5	5	0	217	343	0	67	54	0	11	9
강원	0	1	1	0	12	17	0	8	9	0	2	0
충북	0	0	1	0	4	6	0	11	8	0	0	1
충남	0	0	2	0	7	8	0	6	7	0	9	2
전북	0	0	0	0	4	4	0	11	5	0	2	2
전남	0	0	1	0	1	4	0	12	6	0	11	5
경북	0	0	1	0	3	7	0	13	15	0	2	2
경남	0	0	1	0	4	8	0	13	7	0	7	6
제주	0	0	0	0	0	3	0	8	4	0	1	1

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제3급감염병											
	발진열			쯔쯔가무시증			렙토스피라증			브루셀라증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	1	25	18	12	4,174	8,354	1	170	115	0	7	2
서울	0	2	2	0	40	249	0	9	6	0	1	1
부산	0	1	1	1	333	569	0	10	6	0	0	0
대구	0	1	0	0	104	166	0	1	2	0	0	0
인천	0	8	1	0	31	86	0	2	2	0	0	0
광주	0	0	2	3	114	246	0	7	3	0	0	0
대전	0	0	0	0	113	237	0	19	2	0	0	0
울산	0	4	2	0	236	362	0	0	2	0	0	1
세종	0	0	0	0	30	47	0	4	0	0	0	0
경기	0	4	2	0	188	661	0	21	19	0	0	0
강원	0	1	0	0	17	71	0	7	5	0	0	0
충북	0	0	1	0	67	199	1	17	5	0	0	0
충남	0	1	1	0	357	892	0	18	15	0	0	0
전북	0	0	1	1	399	902	0	9	7	0	3	0
전남	1	1	2	1	806	1,386	0	17	16	0	3	0
경북	0	2	1	0	233	541	0	14	11	0	0	0
경남	0	0	1	5	1,042	1,637	0	15	13	0	0	0
제주	0	0	1	1	64	103	0	0	1	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제3급감염병											
	신증후군출혈열			크로이츠펠트-야콥병(CJD)			뎅기열			큐열		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2020년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	1	263	459	2	71	45	0	43	232	1	70	103
서울	0	5	20	0	14	10	0	14	72	0	1	7
부산	0	9	14	1	9	3	0	5	13	0	1	2
대구	0	4	3	0	6	2	0	2	11	0	0	2
인천	0	3	8	1	5	2	0	2	12	0	3	2
광주	0	2	8	0	2	1	0	0	3	0	2	4
대전	0	2	5	0	1	1	0	0	5	0	3	3
울산	0	1	2	0	3	1	0	1	5	0	0	2
세종	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	1	0
경기	0	37	92	0	16	11	0	13	66	0	12	12
강원	0	20	16	0	1	2	0	0	4	0	0	0
충북	0	9	25	0	2	1	0	0	4	0	9	23
충남	0	27	60	0	1	2	0	2	7	0	11	14
전북	1	40	52	0	3	2	0	0	5	0	6	6
전남	0	50	75	0	2	1	0	1	4	0	14	12
경북	0	24	41	0	2	3	0	1	6	0	1	6
경남	0	27	34	0	4	3	0	1	11	1	6	8
제주	0	3	2	0	0	0	0	1	3	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2020. 12. 26. 기준)(52주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병								
	라임병			중증열성혈소판감소증후군(SFTS)			지카바이러스감염증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡
전국	0	7	21	0	242	201	0	0	-
서울	0	3	7	0	11	10	0	0	-
부산	0	0	1	0	0	2	0	0	-
대구	0	0	0	0	25	5	0	0	-
인천	0	0	2	0	3	3	0	0	-
광주	0	0	0	0	2	1	0	0	-
대전	0	0	1	0	3	3	0	0	-
울산	0	0	0	0	7	4	0	0	-
세종	0	0	0	0	2	1	0	0	-
경기	0	0	5	0	37	36	0	0	-
강원	0	3	0	0	28	30	0	0	-
충북	0	0	0	0	3	8	0	0	-
충남	0	1	1	0	21	18	0	0	-
전북	0	0	1	0	11	9	0	0	-
전남	0	0	1	0	8	14	0	0	-
경북	0	0	1	0	33	27	0	0	-
경남	0	0	1	0	35	18	0	0	-
제주	0	0	0	0	13	12	0	0	-

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (52주차)

1. 인플루엔자 주간 발생 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 2.5명으로 지난해(2.8명) 대비 감소

※ 2020-2021절기 유행기준은 5.8명/(1,000)

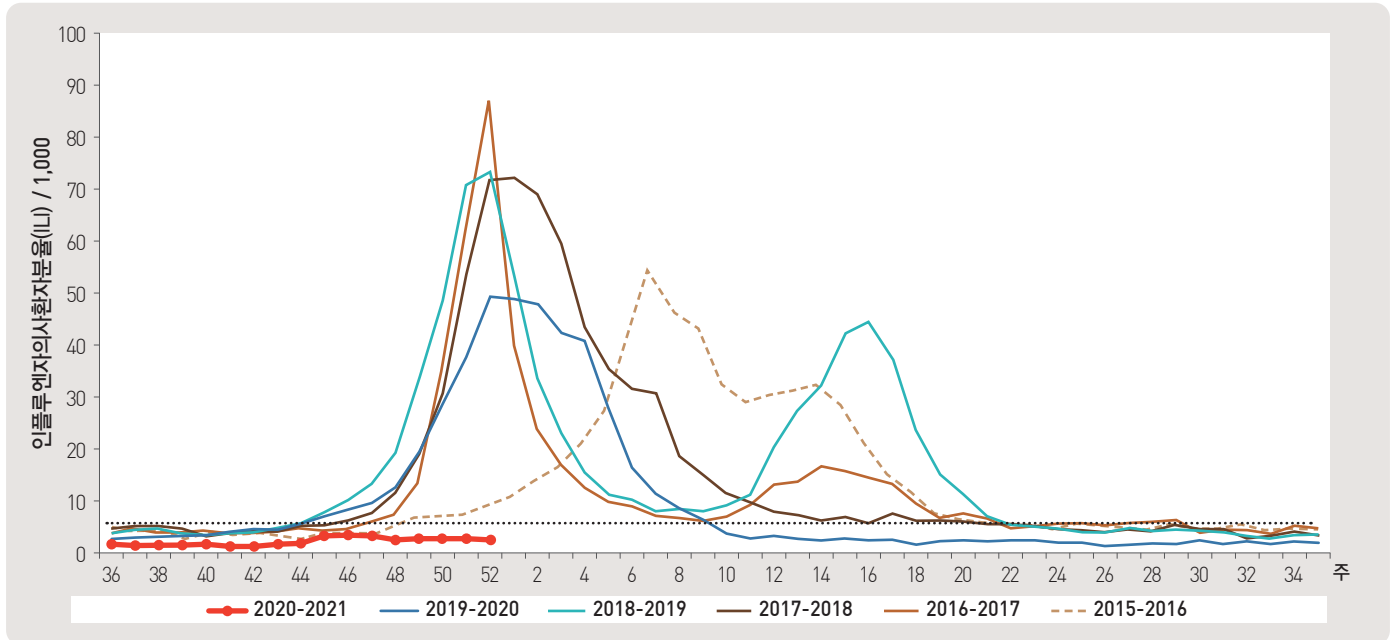


그림 1. 외래 환자 1,000명당 인플루엔자 의사환자 발생 현황

2. 수족구 발생 주간 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주차 수족구병 표본감시(전국 97개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 1.0명으로 전주 1.3명 대비 감소

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

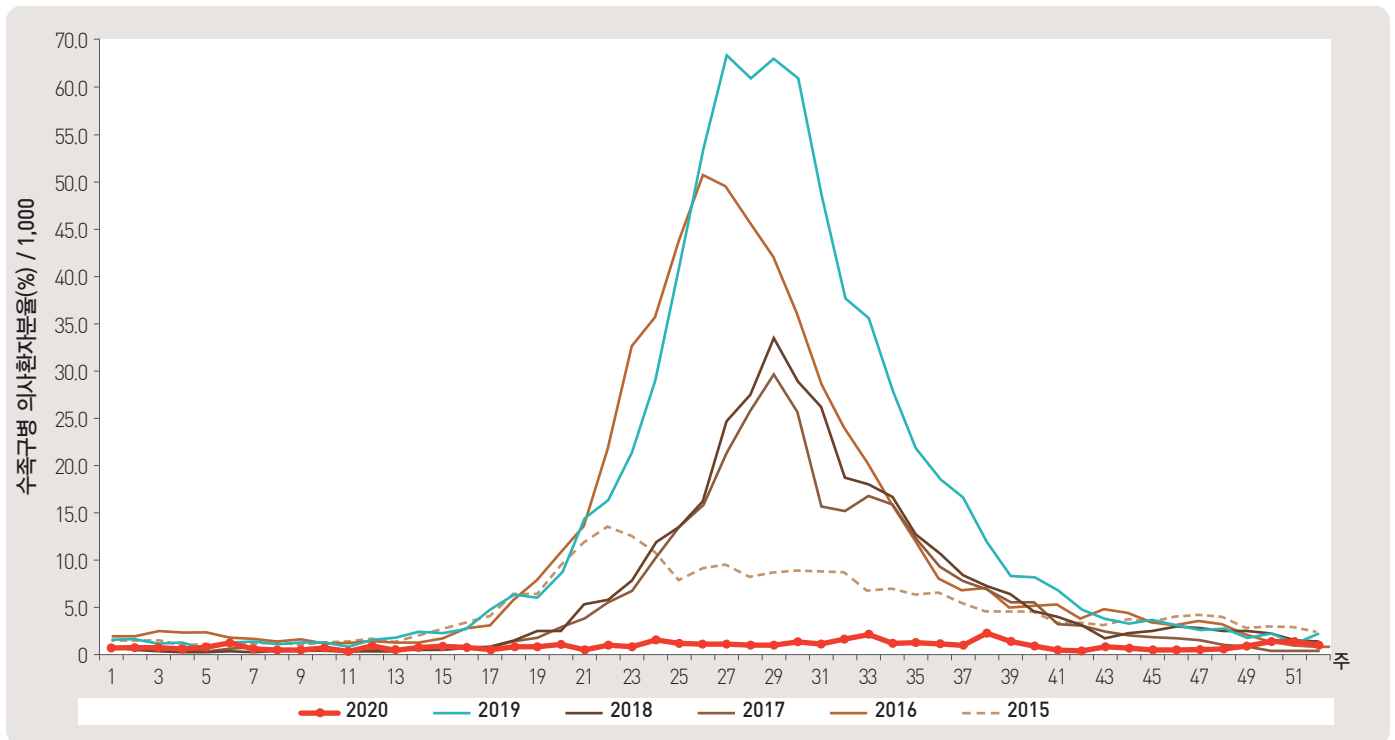


그림 2. 외래 환자 1,000명당 수족구 발생 현황

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지

3. 안과 감염병 주간 발생 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주차 유행성각결막염 표본감시(전국 90개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 4.9명으로 전주 4.1명 대비 증가
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.3명으로 전주 0.3명 대비 동일

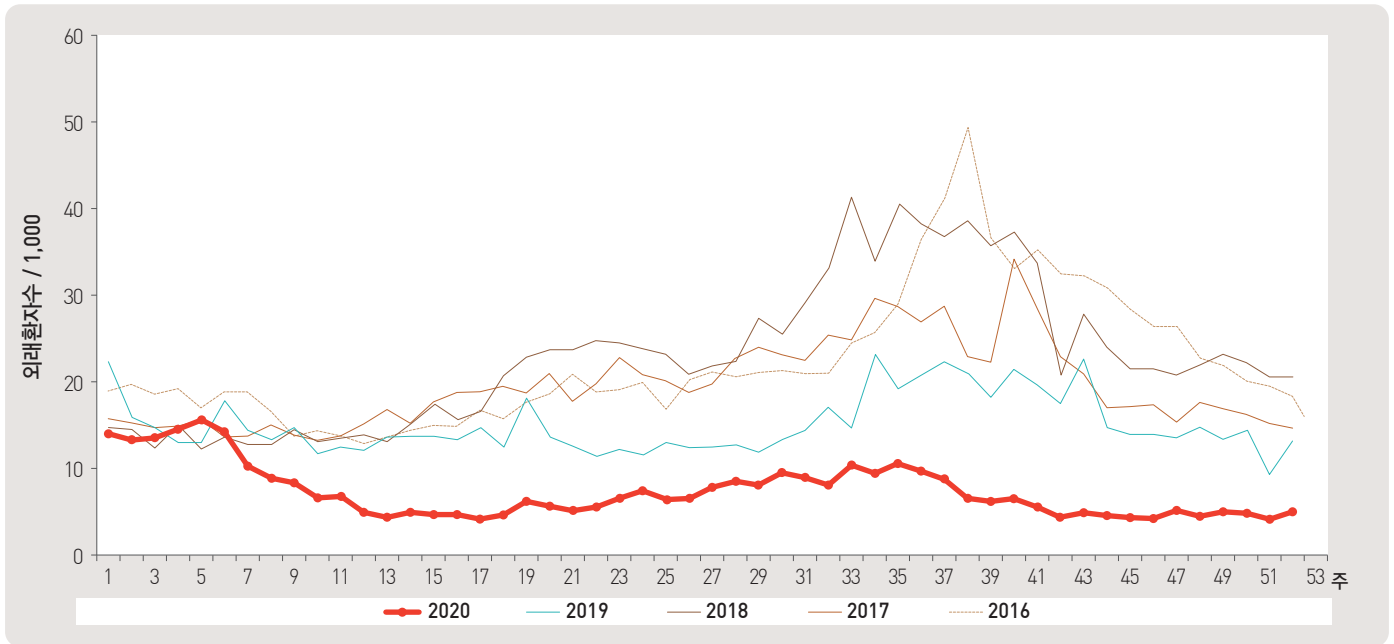


그림 3. 외래 환자 1,000명당 유행성각결막염 발생 현황

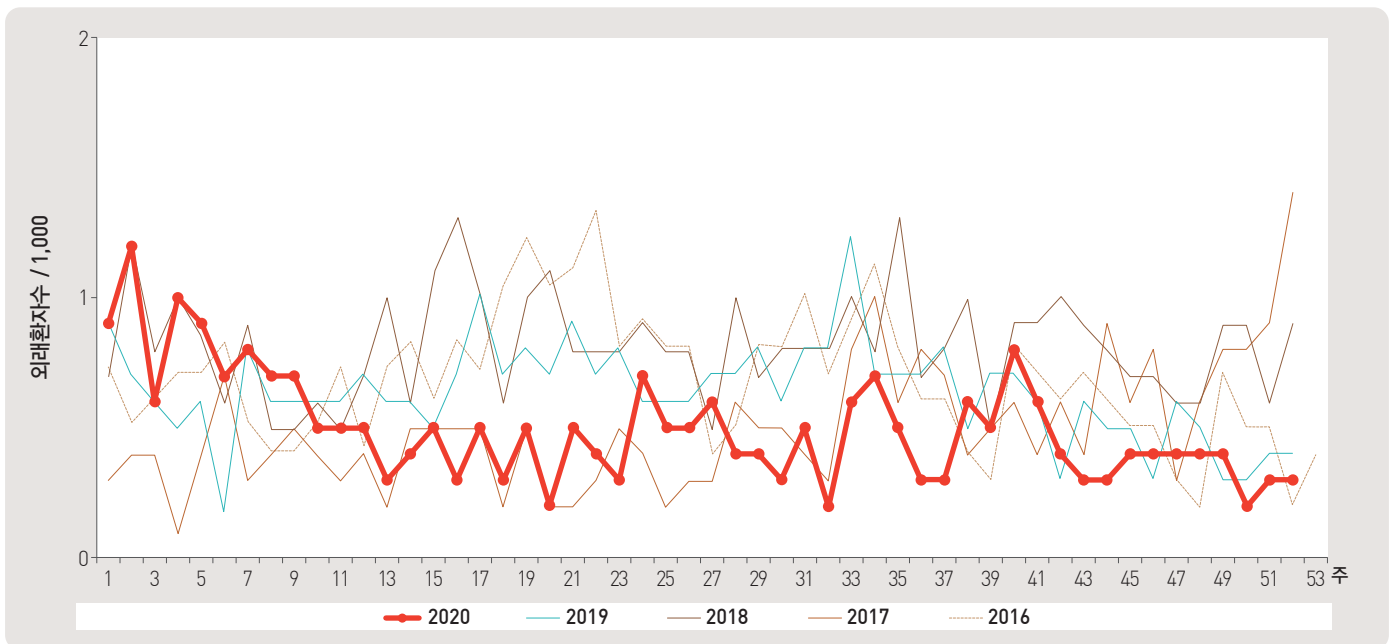


그림 4. 외래 환자 1,000명당 급성출혈성결막염 발생 현황

4. 성매개감염병 주간 발생 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 590개 참여)에서 신고기관 당 성기단순포진 1.9건, 클라미디아감염증 1.8건, 침규콘딜롬 1.3건, 임질 1.2건, 사람유두종바이러스 감염증 1.1건, 1기 매독 0.0건, 2기 매독 0.0건, 선천성 매독 0.0건을 신고함

* 제52주차 신고의료기관 수 : 임질 16개, 클라미디아감염증 37개, 성기단순포진 38개, 침규콘딜롬 37개, 사람유두종바이러스 감염증 20개, 1기 매독 0개, 2기 매독 0개, 선천성 매독 0개
 ** 2020.1.1.일부터 사람유두종바이러스 감염증이 표본감시에 신설되었으며, 매독이 전수감시에서 표본감시로 변경됨

단위 : 신고수/신고기관 수

임질			클라미디아 감염증			성기단순포진			침규콘딜롬		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]
1.2	8.0	10.0	1.8	26.8	32.3	1.9	31.0	39.8	1.3	16.0	22.3

사람유두종바이러스감염증			1기 매독			2기 매독			선천성		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]
1.1	31.1	31.1	0.0	1.6	1.6	0.0	1.5	1.5	0.0	1.0	1.0

누계 : 매년 첫 주부터 금주까지의 보고 누계

† 각 질병별로 규정된 신고 범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고 건을 포함

§ 최근 5년 누적 평균(Cum. 5-year average) : 최근 5년 5주차부터 금주까지 누적 환자 수 평균

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (52주차)

▣ 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주에 집단발생이 6건(사례수 42명)이 발생하였으며 누적발생건수는 237건(사례수 3,299명)이 발생함.

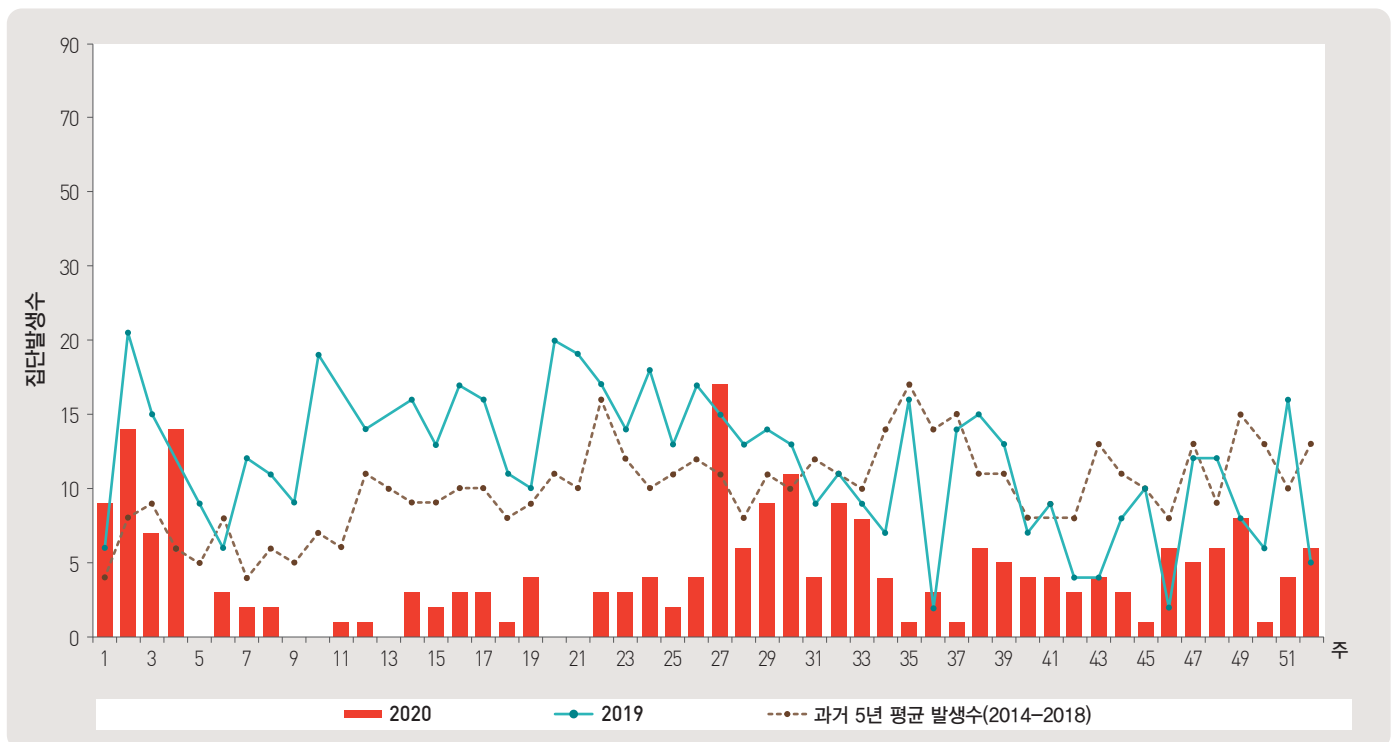


그림 5. 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 현황

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황(52주차)

1. 인플루엔자 바이러스 주간 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주에 전국 52개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 65건 중 양성 없음.

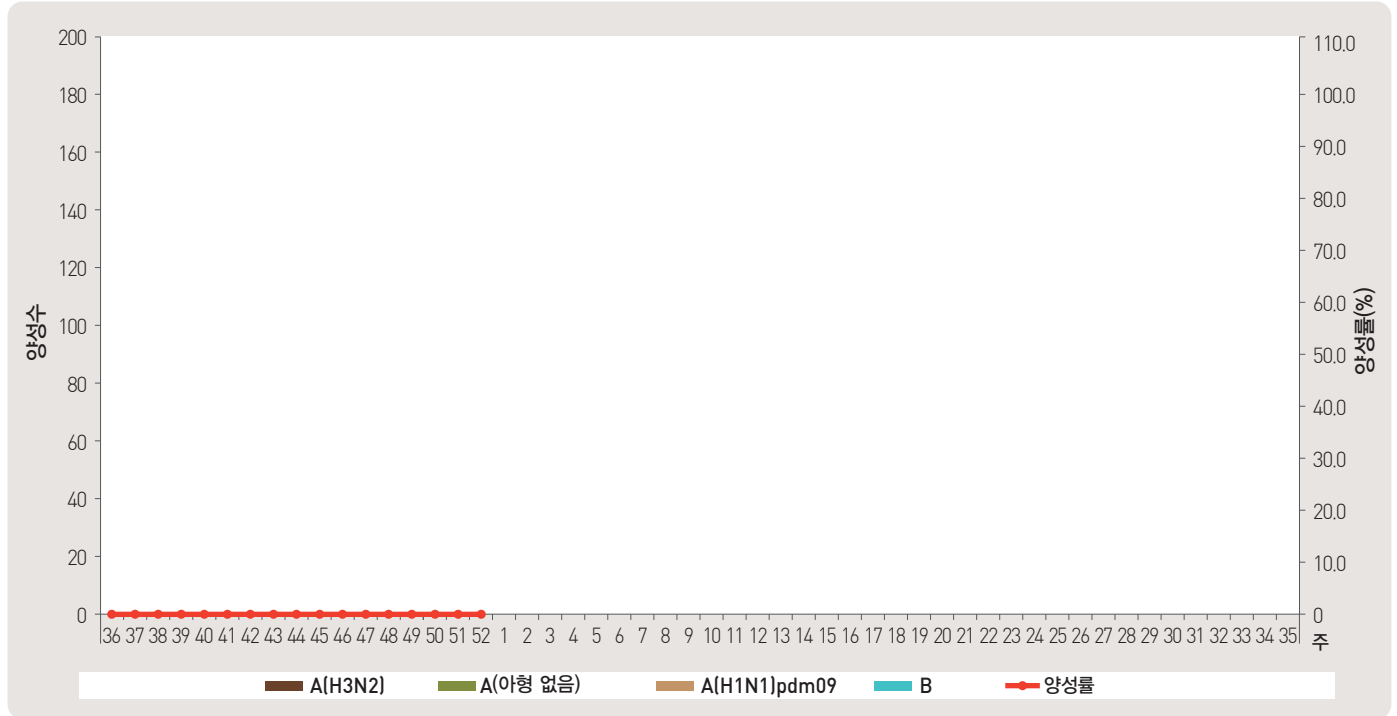


그림 6. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2. 호흡기 바이러스 주간 현황(52주차, 2020. 12. 26. 기준)

- 2020년도 제52주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 38.5%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
(최근 4주 평균 97개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2020 (주)	주별		검출률 (%)							
	검체 건수	검출률 (%)	아데노 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	인플루엔자 바이러스	코로나 바이러스	리노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스
49	112	49.6	6.3	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	11.6	0.0
50	110	50.9	12.7	0.0	0.0	0.0	0.0	21.8	16.4	0.0
51	100	45.0	10.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.0	18.0	0.0
52	65	38.5	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	13.8	10.8	0.0
Cum.*	387	47.0	10.3	0.0	0.0	0.0	0.0	22.2	14.5	0.0
2019 Cum.▽	12,151	60.2	8.0	6.4	3.9	14.0	2.9	17.2	2.8	5.0

※ 4주 누적 : 2020년 11월 29일 - 2020년 12월 26일 검출률임 (지난 4주간 평균 97개의 검체에서 검출된 수의 평균).

▽ 2019년 누적 : 2018년 12월 30일 - 2019년 12월 28일 검출률임.

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 감시 현황 (51주차)

▣ 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 검출 현황(51주차, 2020. 12. 19. 기준)

- 2020년도 제51주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 원인바이러스 검출 건수는 19건(45.2%), 세균 검출 건수는 6건(5.6%) 이었음.

◆ 급성설사질환 바이러스

주	검체수	검출 건수(검출률, %)					합계	
		노로바이러스	그룹 A 로타바이러스	장내 아데노바이러스	아스트로바이러스	사포바이러스		
2020	48	49	9 (18.4)	2 (4.1)	1 (2.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	12 (24.5)
	49	37	16 (43.2)	2 (5.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	18 (48.6)
	50	41	11 (26.8)	0 (0.0)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	12 (29.3)
	51	42	18 (42.9)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	19 (45.2)
2020년 누적	2,160	287 (13.3)	45 (2.1)	16 (0.7)	18 (0.8)	4 (0.2)	370 (17.1)	

* 검체는 5세 이하 아동의 급성설사 질환자에게서 수집됨.

◆ 급성설사질환 세균

주	검체수	분리 건수(분리율, %)									합계	
		살모넬라균	병원성 대장균	세균성 이질균	장염 비브리오균	비브리오 콜레라균	캠필로 박터균	클라스트리움 퍼프린젠스	황색 포도알균	바실러스 세레우스균		
2020	48	165	2 (1.2)	4 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (3.6)	4 (2.4)	6 (3.6)	5 (3.0)	28 (17.0)
	49	155	3 (1.9)	5 (3.2)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (3.9)	5 (3.2)	3 (1.9)	23 (14.8)
	50	126	3 (2.4)	5 (4.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.8)	5 (4.0)	4 (3.2)	2 (1.6)	21 (16.7)
	51	107	2 (1.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.9)	1 (0.9)	2 (1.9)	0 (0.0)	6 (5.6)
2020년 누적	9,236	247 (2.7)	427 (4.6)	2 (0.02)	2 (0.02)	0 (0.0)	175 (1.9)	233 (2.5)	189 (2.0)	189 (2.0)	1,488 (16.1)	

* 2020년 실험실 감시체계 참여기관(69개 의료기관)

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지 → 감염병포털 → 실험실소식지

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 주간 감시 현황 (51주차)

▣ 엔테로바이러스 주간 검출 현황(51주차, 2020. 12. 19. 기준)

- 2020년도 제51주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원, 전국 60개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 0.0%(0건 양성/3검체), 2020년 누적 양성률 3.7%(17건 양성/460검체)임.
- 무균성수막염 0건(2020년 누적 4건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2020년 누적 6건), 합병증 동반 수족구 0건(2020년 누적 0건), 기타 0건(2020년 누적 7건)임.

◆ 무균성수막염

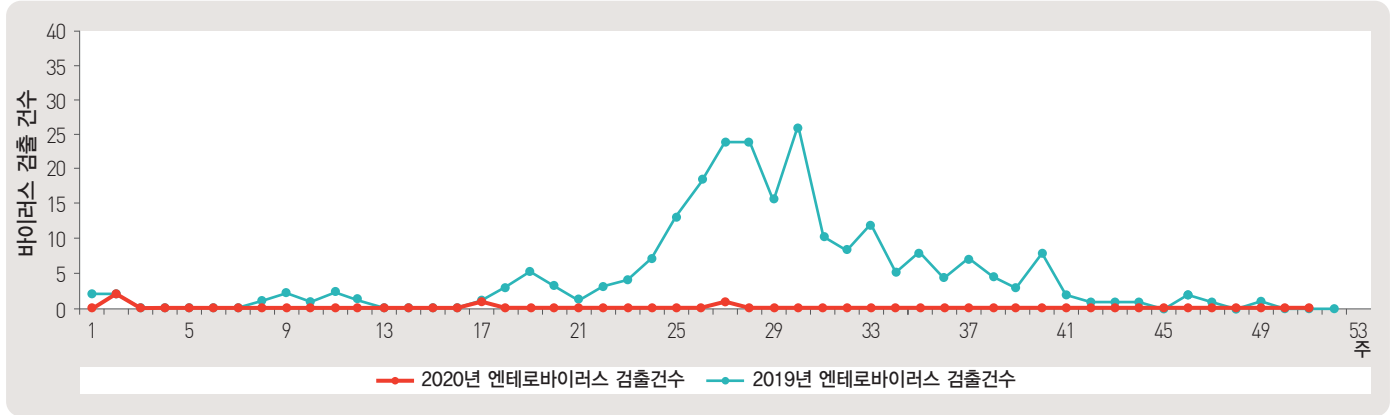


그림 7. 무균성수막염 바이러스 검출수

◆ 수족구병 및 포진성구협염

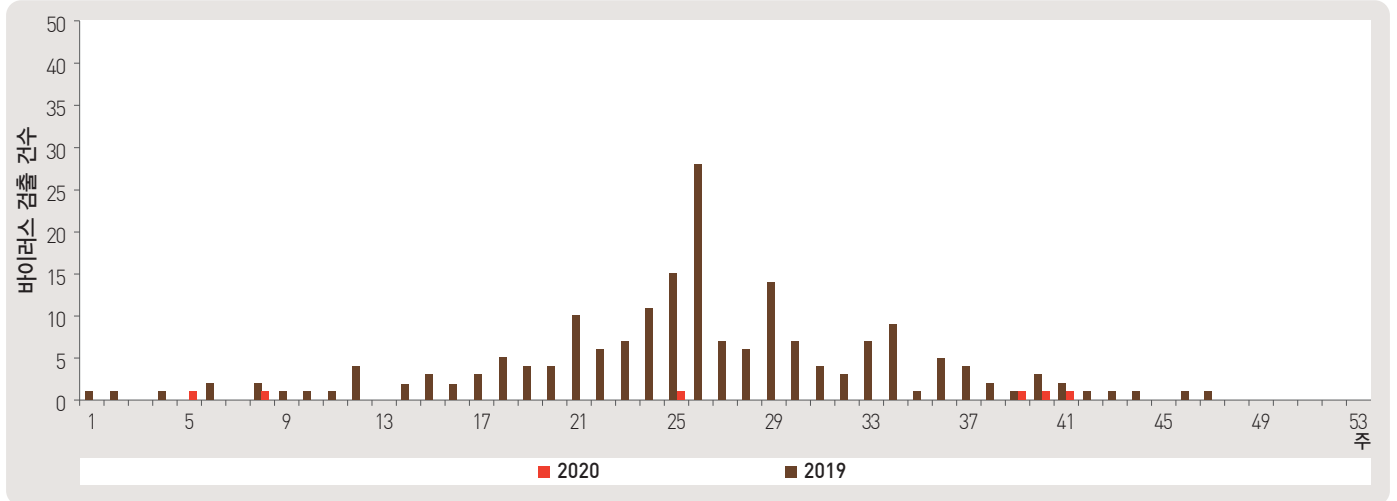


그림 8. 수족구 및 포진성구협염 바이러스 검출수

◆ 합병증 동반 수족구

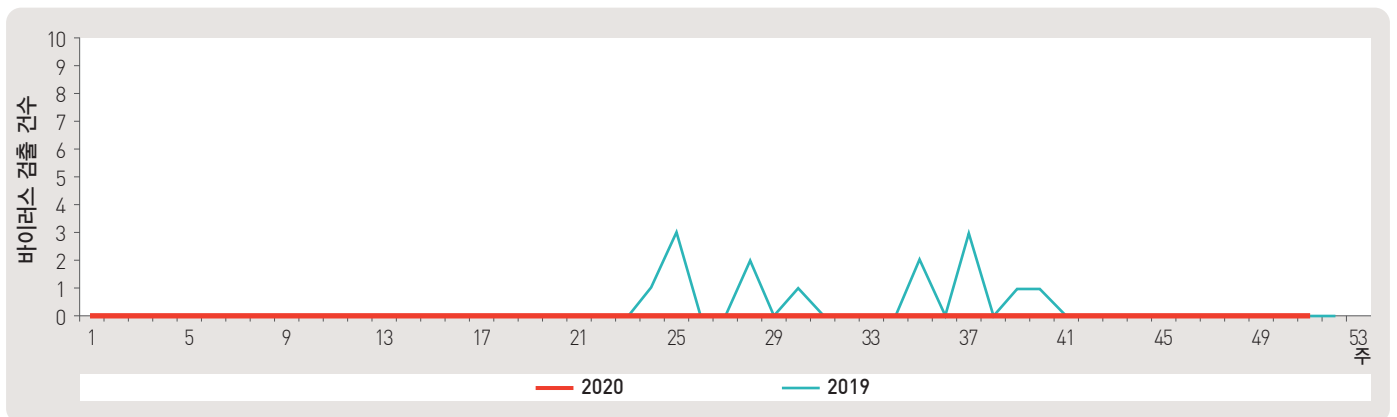


그림 9. 합병증 동반 수족구 바이러스 검출수

주요 통계 이해하기

〈통계표 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2018년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 금주 환자 수(Current week)는 2018년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 2018년 누계 환자수(Cum, 2018)는 2018년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 지난 5년(2013-2017년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 29주) 평균으로 계산된다. 그러므로 금주 환자수(Current week)와 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)의 신고건수를 비교하면 해당 주 단위 시점과 예년의 신고 수준을 비교해 볼 수 있다. 연도별 환자수(Total no. of cases by year)는 지난 5년간 해당 감염병 현황을 나타내는 확정 통계이며 연도별 현황을 비교해 볼 수 있다.

예) 2018년 12주의 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 2013년부터 2017년의 10주부터 28주까지의 신고 건수를 총 29주로 나눈 값으로 구해진다.

$$* \text{5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)} = (X1 + X2 + \dots + X25) / 25$$

	10주	12주	12주	14주	28주
2018년			해당 주		
2017년	X1	X2	X3	X4	X5
2016년	X6	X7	X8	X9	X10
2015년	X11	X12	X13	X14	X15
2014년	X16	X17	X18	X19	X20
2013년	X21	X22	X23	X24	X25

〈통계표 2〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병 보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)와 2018년 누계 환자수(Cum, 2018)를 비교해 보면 최근까지의 누적 신고건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 신고건수와 비교가 가능하다. 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)는 지난 5년(2013-2017년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다. 기타 표본감시 감염병에 대한 신고현황 그림과 통계는 최근 발생양상을 신속하게 파악하는데 도움이 된다.

Statistics of selected infectious diseases

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Classification of disease ‡	Current week	Cum. 2020	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
				2019	2018	2017	2016	2015	
Category II									
Tuberculosis	336	20,061	377	23,821	26,433	28,161	30,892	32,181	
Varicella	248	31,804	2,397	82,868	96,467	80,092	54,060	46,330	
Measles	0	7	0	194	15	7	18	7	
Cholera	0	0	0	1	2	5	4	0	
Typhoid fever	1	74	3	94	213	128	121	121	
Paratyphoid fever	1	96	1	55	47	73	56	44	
Shigellosis	1	43	2	151	191	112	113	88	
EHEC	4	319	1	146	121	138	104	71	
Viral hepatitis A	24	3,489	56	17,598	2,437	4,419	4,679	1,804	
Pertussis	1	130	9	496	980	318	129	205	
Mumps	107	10,107	287	15,967	19,237	16,924	17,057	23,448	
Rubella	0	2	0	8	0	7	11	11	
Meningococcal disease	0	5	0	16	14	17	6	6	
Pneumococcal disease	3	337	14	526	670	523	441	228	
Hansen's disease	0	3	0	4					
Scarlet fever	14	2,358	294	7,562	15,777	22,838	11,911	7,002	
VRSA	0	9	–	3	0	0	–	–	
CRE	132	16,104	–	15,369	11,954	5,717	–	–	
Viral hepatitis E	1	172	–	–	–	–	–	–	
Category III									
Tetanus	0	31	1	31	31	34	24	22	
Viral hepatitis B	3	345	7	389	392	391	359	155	
Japanese encephalitis	0	6	0	34	17	9	28	40	
Viral hepatitis C	76	11,258	211	9,810	10,811	6,396	–	–	
Malaria	0	376	2	559	576	515	673	699	
Legionellosis	1	284	6	501	305	198	128	45	
Vibrio vulnificus sepsis	0	70	0	42	47	46	56	37	
Murine typhus	1	25	0	14	16	18	18	15	
Scrub typhus	12	4,174	75	4,005	6,668	10,528	11,105	9,513	
Leptospirosis	1	170	2	138	118	103	117	104	
Brucellosis	0	7	0	1	5	6	4	5	
HFRS	1	263	11	399	433	531	575	384	
HIV/AIDS	14	784	49	1,005	989	1,008	1,060	1,018	
CJD	2	71	1	53	53	36	42	33	
Dengue fever	0	43	4	273	159	171	313	255	
Q fever	1	70	1	162	163	96	81	27	
Lyme Borreliosis	0	7	0	23	23	31	27	9	
Melioidosis	0	1	0	8	2	2	4	4	
Chikungunya fever	0	1	0	16	3	5	10	2	
SFTS	0	242	0	223	259	272	165	79	
Zika virus infection	0	0	–	3	3	11	16	–	

Abbreviation: EHEC= Enterohemorrhagic Escherichia coli, VRSA= Vancomycin-resistant Staphylococcus aureus, CRE= Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, HFRS= Hemorrhagic fever with renal syndrome, CJD= 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 2020 are provisional but the data from 2015 to 2019 are finalized data.

† 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 no incidence data such as Ebola virus disease, Marburg Hemorrhagic fever, Lassa fever, Crimean Congo Hemorrhagic fever, South American Hemorrhagic fever, Rift Valley fever, Smallpox, Plague, Anthrax, Botulism, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome, Severe Acute Respiratory Syndrome, Middle East Respiratory Syndrome, Human infection with zoonotic influenza, Novel Influenza, Diphtheria, Poliomyelitis, Haemophilus influenzae type b, Epidemic typhus, Rabies, Yellow fever, West Nile fever and Tick-borne Encephalitis.

Table 2. Reported cases of infectious diseases by geography, week ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Tuberculosis			Varicella			Measles			Cholera		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]
Overall	336	20,061	28,236	248	31,804	71,339	0	7	47	0	0	2
Seoul	57	3,510	5,195	0	3,617	8,439	0	2	7	0	0	0
Busan	14	1,286	1,969	8	1,712	3,773	0	0	2	0	0	1
Daegu	16	975	1,315	11	1,564	3,671	0	0	4	0	0	0
Incheon	16	1,019	1,482	20	1,664	3,686	0	0	2	0	0	0
Gwangju	8	500	692	23	1,400	2,530	0	0	0	0	0	0
Daejeon	10	431	636	9	1,020	1,974	0	0	5	0	0	0
Ulsan	7	375	578	9	674	1,993	0	0	1	0	0	0
Sejong	2	93	88	3	284	709	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	79	4,360	6,065	77	8,445	20,182	0	3	15	0	0	0
Gangwon	16	857	1,196	5	950	1,885	0	0	1	0	0	0
Chungbuk	14	627	867	15	1,212	1,845	0	0	0	0	0	0
Chungnam	18	1,021	1,337	7	1,192	2,656	0	0	2	0	0	0
Jeonbuk	12	825	1,088	8	1,261	3,060	0	0	1	0	0	0
Jeonnam	11	1,049	1,474	16	1,266	2,997	0	1	2	0	0	0
Gyeongbuk	28	1,504	2,031	0	1,673	3,752	0	0	3	0	0	0
Gyeongnam	25	1,364	1,873	24	3,123	6,473	0	1	2	0	0	1
Jeju	3	265	351	13	747	1,714	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i>		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
Overall	1	74	134	1	96	55	1	43	128	4	319	114
Seoul	0	8	25	0	10	11	0	7	33	0	26	17
Busan	0	6	11	0	25	7	0	6	8	0	9	3
Daegu	0	3	4	0	7	2	0	0	8	0	9	5
Incheon	0	5	7	0	5	2	0	2	11	0	8	9
Gwangju	0	1	3	0	3	2	0	2	3	3	20	16
Daejeon	0	3	7	0	1	2	0	0	3	1	9	2
Ulsan	0	1	3	0	0	0	0	3	1	0	6	4
Sejong	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1
Gyeonggi	0	20	30	0	14	11	0	8	24	0	149	21
Gangwon	0	8	4	1	6	2	0	1	2	0	6	4
Chungbuk	1	2	4	0	1	2	0	1	3	0	4	4
Chungnam	0	6	6	0	4	1	0	3	6	0	10	3
Jeonbuk	0	2	3	0	0	3	1	2	3	0	2	3
Jeonnam	0	0	7	0	9	3	0	3	7	0	15	8
Gyeongbuk	0	2	5	0	3	2	0	1	6	0	19	4
Gyeongnam	0	6	11	0	5	4	0	4	8	0	11	5
Jeju	0	1	3	0	3	1	0	0	2	0	14	5

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Viral hepatitis A			Pertussis			Mumps			Rubella		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]
Overall	24	3,489	6,158	1	130	423	107	10,107	18,486	0	2	7
Seoul	0	649	1,150	0	16	55	0	1,189	1,874	0	0	2
Busan	0	83	213	0	6	37	2	538	1,140	0	1	0
Daegu	0	74	96	0	5	14	2	416	650	0	0	0
Incheon	5	380	424	0	6	23	3	501	809	0	0	0
Gwangju	0	62	104	0	10	21	8	350	1,056	0	0	0
Daejeon	4	138	666	0	7	8	10	297	438	0	0	1
Ulsan	1	33	41	0	2	12	8	294	612	0	0	0
Sejong	2	21	97	0	0	7	1	70	79	0	0	0
Gyeonggi	0	1,150	1,867	0	23	65	32	3,028	4,667	0	1	1
Gangwon	0	91	114	0	1	4	4	332	596	0	0	0
Chungbuk	2	114	298	0	0	10	4	304	403	0	0	0
Chungnam	4	257	459	0	4	11	9	467	735	0	0	0
Jeonbuk	2	182	242	0	3	9	2	438	1,132	0	0	0
Jeonnam	2	56	113	0	21	22	7	411	862	0	0	1
Gyeongbuk	0	98	116	0	9	29	0	473	928	0	0	1
Gyeongnam	2	74	128	1	16	89	12	824	2,270	0	0	1
Jeju	0	27	30	0	1	7	3	175	235	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II						Diseases of Category III					
	Meningococcal disease			Scarlet fever			Tetanus			Viral hepatitis B		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [‡]
Overall	0	5	12	14	2,358	12,932	0	31	29	3	345	334
Seoul	0	1	4	0	330	1,689	0	2	3	0	51	58
Busan	0	0	1	0	134	904	0	3	2	0	18	22
Daegu	0	0	1	0	43	451	0	1	2	0	13	11
Incheon	0	1	1	0	117	609	0	0	1	0	18	19
Gwangju	0	0	0	6	309	639	0	1	1	1	8	7
Daejeon	0	0	0	1	91	480	0	0	1	0	13	11
Ulsan	0	0	0	2	85	560	0	0	1	0	7	9
Sejong	0	0	0	0	13	69	0	1	0	0	2	0
Gyeonggi	0	2	2	0	586	3,768	0	3	3	1	94	82
Gangwon	0	0	1	2	56	202	0	1	1	0	14	10
Chungbuk	0	0	0	0	36	248	0	3	1	0	11	13
Chungnam	0	0	0	0	77	575	0	6	2	1	17	17
Jeonbuk	0	0	0	1	60	445	0	4	1	0	18	18
Jeonnam	0	0	0	1	106	503	0	2	4	0	18	16
Gyeongbuk	0	1	1	0	84	660	0	2	3	0	9	18
Gyeongnam	0	0	1	1	171	981	0	2	3	0	31	20
Jeju	0	0	0	0	60	149	0	0	0	0	3	3

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category III											
	Japanese encephalitis			Malaria			Legionellosis			<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average‡
Overall	0	6	25	0	376	603	1	284	231	0	70	45
Seoul	0	0	8	0	55	87	0	82	69	0	11	6
Busan	0	0	0	0	2	8	1	18	12	0	6	4
Daegu	0	0	2	0	3	7	0	5	8	0	0	1
Incheon	0	0	1	0	51	88	0	12	19	0	6	3
Gwangju	0	0	1	0	5	4	0	11	3	0	1	1
Daejeon	0	0	1	0	4	4	0	6	2	0	0	1
Ulsan	0	0	0	0	3	4	0	0	3	0	1	1
Sejong	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
Gyeonggi	0	5	5	0	217	343	0	67	54	0	11	9
Gangwon	0	1	1	0	12	17	0	8	9	0	2	0
Chungbuk	0	0	1	0	4	6	0	11	8	0	0	1
Chungnam	0	0	2	0	7	8	0	6	7	0	9	2
Jeonbuk	0	0	0	0	4	4	0	11	5	0	2	2
Jeonnam	0	0	1	0	1	4	0	12	6	0	11	5
Gyeongbuk	0	0	1	0	3	7	0	13	15	0	2	2
Gyeongnam	0	0	1	0	4	8	0	13	7	0	7	6
Jeju	0	0	0	0	0	3	0	8	4	0	1	1

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
Overall	1	25	18	12	4,174	8,354	1	170	115	0	7	2
Seoul	0	2	2	0	40	249	0	9	6	0	1	1
Busan	0	1	1	1	333	569	0	10	6	0	0	0
Daegu	0	1	0	0	104	166	0	1	2	0	0	0
Incheon	0	8	1	0	31	86	0	2	2	0	0	0
Gwangju	0	0	2	3	114	246	0	7	3	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	113	237	0	19	2	0	0	0
Ulsan	0	4	2	0	236	362	0	0	2	0	0	1
Sejong	0	0	0	0	30	47	0	4	0	0	0	0
Gyeonggi	0	4	2	0	188	661	0	21	19	0	0	0
Gangwon	0	1	0	0	17	71	0	7	5	0	0	0
Chungbuk	0	0	1	0	67	199	1	17	5	0	0	0
Chungnam	0	1	1	0	357	892	0	18	15	0	0	0
Jeonbuk	0	0	1	1	399	902	0	9	7	0	3	0
Jeonnam	1	1	2	1	806	1,386	0	17	16	0	3	0
Gyeongbuk	0	2	1	0	233	541	0	14	11	0	0	0
Gyeongnam	0	0	1	5	1,042	1,637	0	15	13	0	0	0
Jeju	0	0	1	1	64	103	0	0	1	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Hemorrhagic fever with renal syndrome			Creutzfeldt-Jacob Disease			Dengue fever			Q fever		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
Overall	1	263	459	2	71	45	0	43	232	1	70	103
Seoul	0	5	20	0	14	10	0	14	72	0	1	7
Busan	0	9	14	1	9	3	0	5	13	0	1	2
Daegu	0	4	3	0	6	2	0	2	11	0	0	2
Incheon	0	3	8	1	5	2	0	2	12	0	3	2
Gwangju	0	2	8	0	2	1	0	0	3	0	2	4
Daejeon	0	2	5	0	1	1	0	0	5	0	3	3
Ulsan	0	1	2	0	3	1	0	1	5	0	0	2
Sejong	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Gyeonggi	0	37	92	0	16	11	0	13	66	0	12	12
Gangwon	0	20	16	0	1	2	0	0	4	0	0	0
Chungbuk	0	9	25	0	2	1	0	0	4	0	9	23
Chungnam	0	27	60	0	1	2	0	2	7	0	11	14
Jeonbuk	1	40	52	0	3	2	0	0	5	0	6	6
Jeonnam	0	50	75	0	2	1	0	1	4	0	14	12
Gyeongbuk	0	24	41	0	2	3	0	1	6	0	1	6
Gyeongnam	0	27	34	0	4	3	0	1	11	1	6	8
Jeju	0	3	2	0	0	0	0	1	3	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category IV								
	Lyme Borreliosis			Severe fever with thrombocytopenia syndrome			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	7	21	0	242	201	0	0	–
Seoul	0	3	7	0	11	10	0	0	–
Busan	0	0	1	0	0	2	0	0	–
Daegu	0	0	0	0	25	5	0	0	–
Incheon	0	0	2	0	3	3	0	0	–
Gwangju	0	0	0	0	2	1	0	0	–
Daejeon	0	0	1	0	3	3	0	0	–
Ulsan	0	0	0	0	7	4	0	0	–
Sejong	0	0	0	0	2	1	0	0	–
Gyeonggi	0	0	5	0	37	36	0	0	–
Gangwon	0	3	0	0	28	30	0	0	–
Chungbuk	0	0	0	0	3	8	0	0	–
Chungnam	0	1	1	0	21	18	0	0	–
Jeonbuk	0	0	1	0	11	9	0	0	–
Jeonnam	0	0	1	0	8	14	0	0	–
Gyeongbuk	0	0	1	0	33	27	0	0	–
Gyeongnam	0	0	1	0	35	18	0	0	–
Jeju	0	0	0	0	13	12	0	0	–

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

[†] 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.

1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

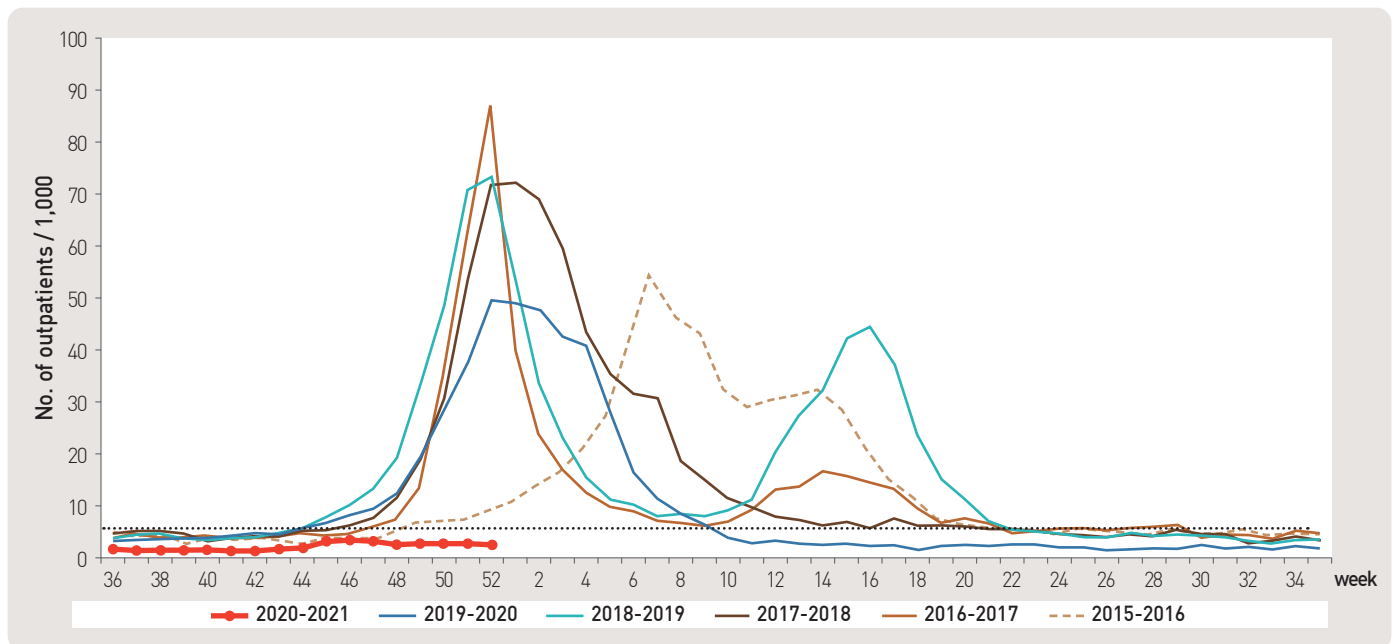


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2015–2016 to 2020–2021 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD), Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

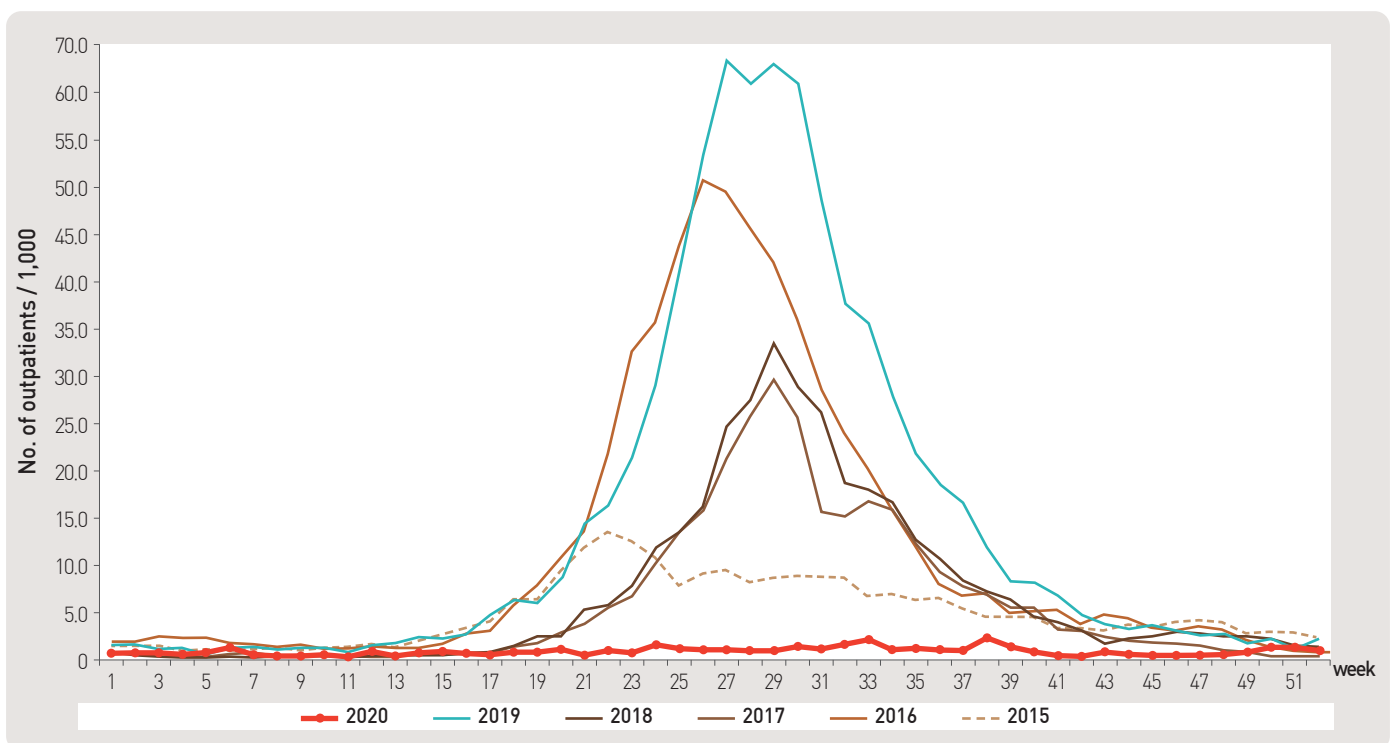


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2015–2020

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

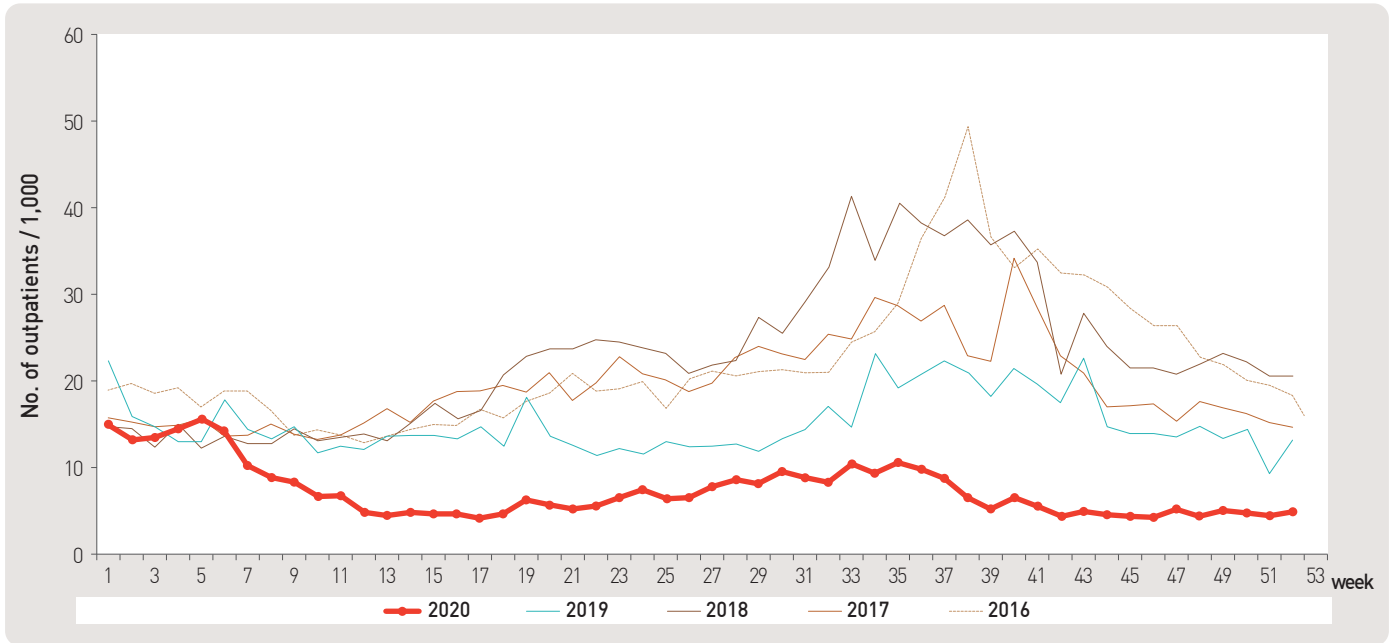


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

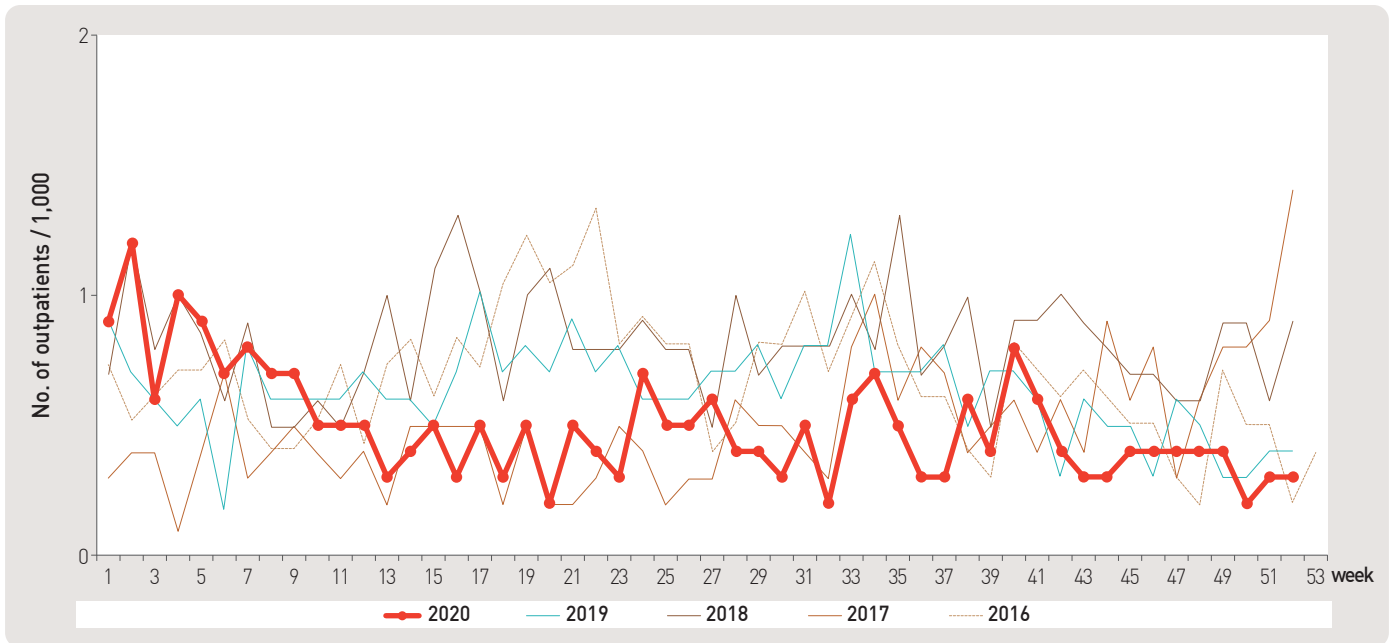


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases[†], Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
1.2	8.0	10.0	1.8	26.8	32.3	1.9	31.0	39.8	1.3	16.0	22.3

Human Papilloma virus infection			Primary			Secondary			Congenital		
Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average [§]
1.1	31.1	31.1	0.0	1.6	1.6	0.0	1.5	1.5	0.0	1.0	1.0

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.

▣ Waterborne and foodborne disease outbreaks, Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

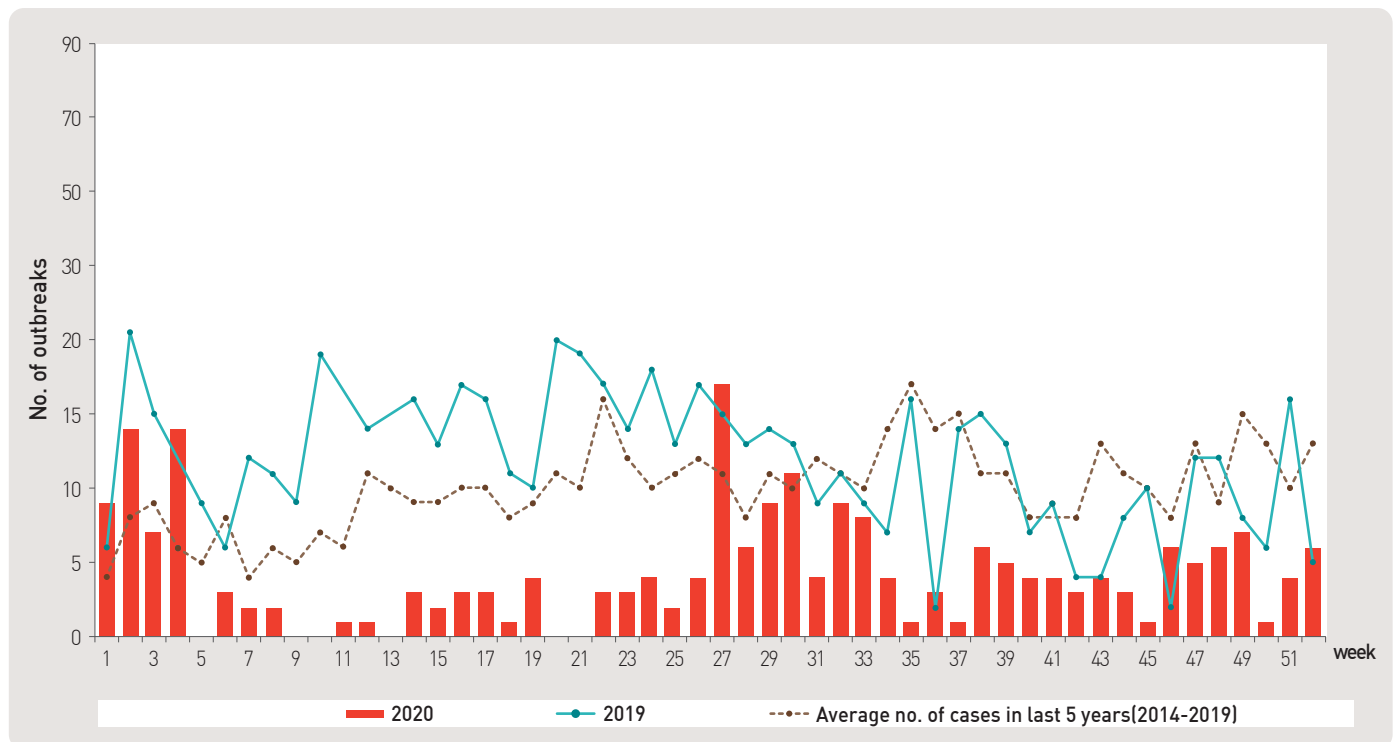


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2019–2020

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

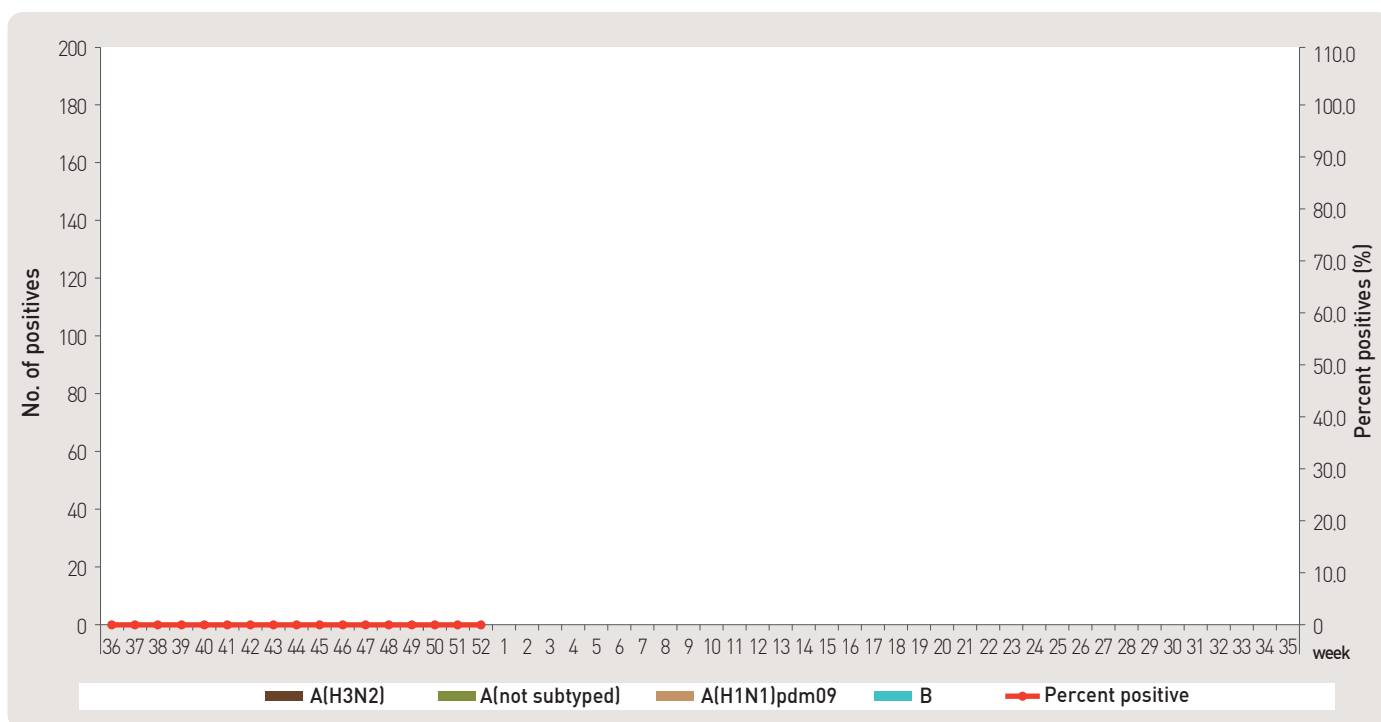


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2020–2021 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending December 26, 2020 (52nd week)

2020 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
49	112	49.6	6.3	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	11.6	0.0
50	110	50.9	12.7	0.0	0.0	0.0	0.0	21.8	16.4	0.0
51	100	45.0	10.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.0	18.0	0.0
52	65	38.5	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	13.8	10.8	0.0
Cum.*	387	47.0	10.3	0.0	0.0	0.0	0.0	22.2	14.5	0.0
2019 Cum.∇	12,151	60.2	8.0	6.4	3.9	14.0	2.9	17.2	2.8	5.0

– HAdV: human Adenovirus, HPIV: human Parainfluenza virus, HRSV: human Respiratory syncytial virus, IFV: Influenza virus,

HCoV: human Coronavirus, HRV: human Rhinovirus, HBoV: human Bocavirus, HMPV: human Metapneumovirus

* Cum.: the rate of detected cases between November 29, 2020 – December 26, 2020 (Average No. of detected cases is 97 last 4 weeks)

∇ 2019 Cum.: the rate of detected cases between December 30, 2018 – December 28, 2019

▣ Acute gastroenteritis-causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending December 19, 2020 (51st week)

◆ Acute gastroenteritis-causing viruses

Week	No. of sample		No. of detection (Detection rate, %)					
			Norovirus	Group A Rotavirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Sapovirus	Total
2020	48	49	9 (18.4)	2 (4.1)	1 (2.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	12 (24.5)
	49	37	16 (43.2)	2 (5.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	18 (48.6)
	50	41	11 (26.8)	0 (0.0)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	12 (29.3)
	51	42	18 (42.9)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	19 (45.2)
Cum.		2,160	287 (13.3)	45 (2.1)	16 (0.7)	18 (0.8)	4 (0.2)	370 (17.1)

* The samples were collected from children ≤5 years of sporadic acute gastroenteritis in Korea.

◆ Acute gastroenteritis-causing bacteria

Week	No. of sample		No. of isolation (Isolation rate, %)									
			<i>Salmonella spp.</i>	Pathogenic <i>E.coli</i>	<i>Shigella spp.</i>	<i>V.parahaemolyticus</i>	<i>V. cholerae</i>	<i>Campylobacter spp.</i>	<i>C.perfringens</i>	<i>S. aureus</i>	<i>B. cereus</i>	Total
2020	48	165	2 (1.2)	4 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (3.6)	4 (2.4)	6 (3.6)	5 (3.0)	28 (17.0)
	49	155	3 (1.9)	5 (3.2)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (3.9)	5 (3.2)	3 (1.9)	23 (14.8)
	50	126	3 (2.4)	5 (4.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.8)	5 (4.0)	4 (3.2)	2 (1.6)	21 (16.7)
	51	107	2 (1.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.9)	1 (0.9)	2 (1.9)	0 (0.0)	6 (5.6)
Cum.		9,236	247 (2.7)	427 (4.6)	2 (0.02)	2 (0.02)	0 (0.0)	175 (1.9)	233 (2.5)	189 (2.0)	189 (2.0)	1,488 (16.1)

* Bacterial Pathogens: *Salmonella spp.*, *E. coli* (EHEC, ETEC, EPEC, EIEC), *Shigella spp.*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae*, *Campylobacter spp.*, *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, *Listeria monocytogenes*, *Yersinia enterocolitica*.

* Hospital participating in laboratory surveillance in 2018 (70 hospitals)

† Contains 3 *Listeria monocytogenes*

■ Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending December 19, 2020 (51st week)

◆ Aseptic meningitis

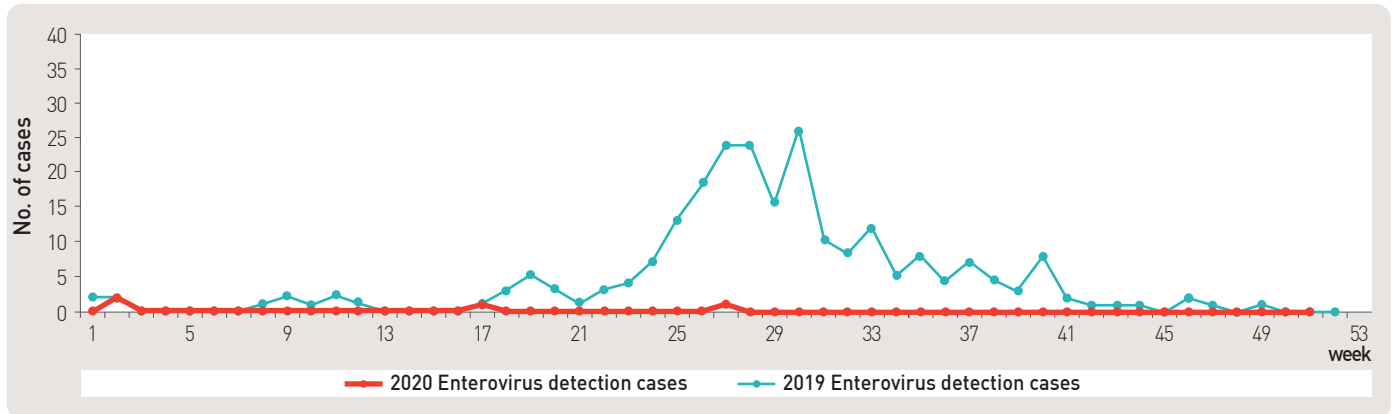


Figure 7. Detection cases of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2019 to 2020

◆ HFMD and Herpangina

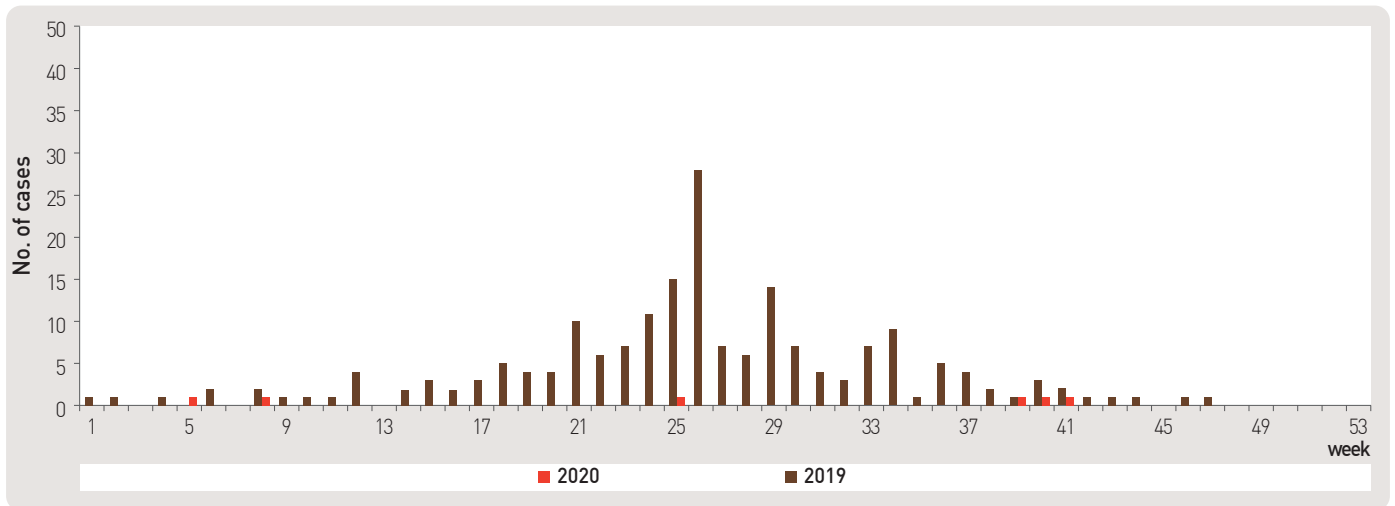


Figure 8. Detection cases of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2019 to 2020

◆ HFMD with Complications

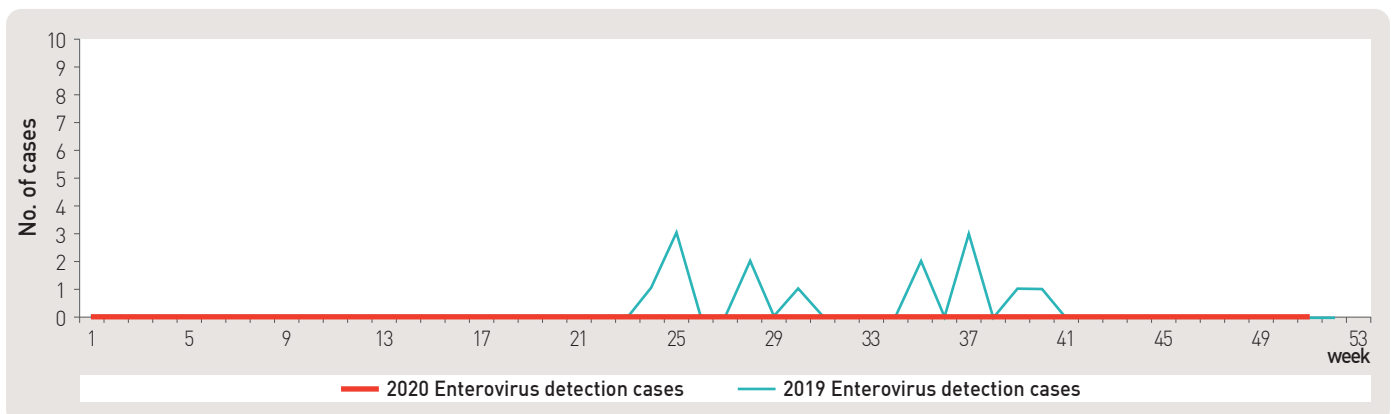


Figure 9. Detection cases of enterovirus in HFMD with complications patients from 2019 to 2020

About PHWR Disease Surveillance Statistics

The Public Health Weekly Report (PHWR) Disease Surveillance Statistics is prepared by the Korea Centers for Disease Control and Prevention (Korea CDC). These provisional surveillance data on the reported occurrence of national notifiable diseases and conditions are compiled through population-based or sentinel-based surveillance systems and published weekly, except for data on infrequent or recently-designated diseases. These surveillance statistics are informative for analyzing infectious disease or condition numbers and trends. However, the completeness of data might be influenced by some factors such as a date of symptom or disease onset, diagnosis, laboratory result, reporting of a case to a jurisdiction, or notification to Korea Centers for Disease Control and Prevention. The official and final disease statistics are published in infectious disease surveillance yearbook annually.

Using and Interpreting These Data in Tables

- Current Week – The number of cases under current week denotes cases who have been reported to Korea CDC at the central level via corresponding jurisdictions(health centers, and health departments) during that week and accepted/approved by surveillance staff.
- Cum. 2018 – For the current year, it denotes the cumulative(Cum) year-to-date provisional counts for the specified condition.
- 5-year weekly average – The 5-year weekly average is calculated by summing, for the 5 preceding years, the provisional incidence counts for the current week, the two weeks preceding the current week, and the two weeks following the current week. The total sum of cases is then divided by 25 weeks. It gives help to discern the statistical aberration of the specified disease incidence by comparing difference between counts under current week and 5-year weekly average.

For example,

* 5-year weekly average for current week= $(X1 + X2 + \dots + X25) / 25$

	10	11	12	13	14
2018			Current week		
2017	X1	X2	X3	X4	X5
2016	X6	X7	X8	X9	X10
2015	X11	X12	X13	X14	X15
2014	X16	X17	X18	X19	X20
2013	X21	X22	X23	X24	X25

- Cum. 5-year average – Mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years. It gives help to understand the increasing or decreasing pattern of the specific disease incidence by comparing difference between cum. 2018 and cum. 5-year average.

Contact Us

Questions or comments about the PHWR Disease Surveillance Statistics can be sent to phwrcdc@korea.kr or to the following:

Mail:

Division of Strategic Planning for Emerging Infectious Diseases Korea Centers for Disease Control and Prevention

187 Osongsaengmyeong 2-ro, Osong-eup, Heungdeok-gu, Cheongju-si, Chungcheongbuk-do, Korea, 28160

www.kdca.go.kr

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리청에서 시행되는 조사사업을 통해 생성된 감시 및 연구 자료를 기반으로 근거중심의 건강 및 질병관련 정보를 제공하고자 최선을 다할 것이며, 제공되는 정보는 질병관리청의 특정 의사와는 무관함을 알립니다.

본 간행물에서 제공되는 감염병 통계는 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」에 의거, 국가 감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기반으로 집계된 것으로 집계된 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 것이며 확진 결과시 혹은 다른 병으로 확인 될 경우 수정 될 수 있는 잠정 통계임을 알립니다.

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리청 홈페이지를 통해 주간 단위로 게시되고 있으며, 정기적 구독을 원하시는 분은 phwrcdc@korea.kr로 신청 가능합니다. 이메일을 통해 보내지는 본 간행물의 정기적 구독 요청시 구독자의 성명, 연락처, 직업 및 이메일 주소가 요구됨을 알려 드립니다.

「주간 건강과 질병」 발간 관련 문의 : phwrcdc@korea.kr / 043-219-2955

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2020년 12월 31일

발 행 인 : 정은경

편 집 인 : 조은희

편집위원 : 박혜경, 이동한, 이상원, 이연경, 심은혜, 오경원, 김성수, 유효순

편집실무위원 : 김은진, 김은경, 손태종, 주재신, 이지아, 김성순, 진여원, 권동혁, 백수진, 박숙경, 박현정, 전정훈, 정윤석, 임도상, 권상희, 신지연, 박신영, 정지원, 이승희, 윤여란, 서순려, 김청식

편 집 : 질병관리청 만성질환관리국 건강위해대응관 미래질병대비과

충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운 (우)28159

Tel. (043) 219-2955 Fax. (043) 219-2969