

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol.9 No.38 2016

CONTENTS

- 750 한국인 주요 만성질환 원인규명을 위한 참조 에피유전체 기반구축
- 755 약독화 백시니아 바이러스주 KVAC103을 이용한 백신전달체 개발
- 760 주요통계 : 수족구병 발생현황
 - 인플루엔자 발생현황
 - 안과감염병 발생현황
 - 수인성식품매개질환 발생현황



한국인 주요 만성질환 원인규명을 위한 참조 에피유전체 기반구축

질병관리본부 국립보건연구원 유전체센터 형질연구과 고인욱, 유재일, 김봉조*

*교신저자: kbj6181@cdc.go.kr / 043-719-8870

Abstract

Korean Epigenome Project for Investigating the Cause of Chronic Diseases

Division of Structural and Functional Genomics, Center for Genome Science, NIH, CDC
Koh In-Uk, Yoo Jae-Il, Kim Bong-Jo

Background: The ultimate goal of genome and epigenome research is to understand how a cell's present state is determined as cellular differentiation, tissue development or disease progression in a multicellular organism, such as man.

Current status: Since 2011, KNIH has conducted the Korean Epigenome Project (KEP) as a national initiative for studying chronic complex diseases. KEP partnered with the International Human Epigenome Consortium (IHEC) for the completion of mapping 1000 reference epigenomes. Presently, over 500 target cell samples have been isolated from normal subjects and patients with diseases for the KEP. Moreover, 118 KNIH epigenome data sets have been generated from 18 different target cell types and 11 KNIH reference epigenome data sets have been opened publicly.

Future Prospects: The establishment of references for epigenome and epigenome research are interdisciplinary and requires the team work of clinicians, experimentalists and bioinformaticians. Through collaborative epigenome data production, the KEP will provide Korean reference epigenomes to facilitate the discovery of new targets for therapeutic interventions and future approaches to chronic complex disease control.

들어가는 말

‘인간게놈프로젝트(Human Genome Project)’로 알려진 전장 염기서열분석(whole genome sequencing)에 의해 인간 유전자 전체(genome, 약 30억 개의 뉴클레오타이드 염기쌍) 서열이 밝혀진 이래, 그 결과물은 post-genome 시대에서 거대한 파급력으로 관련 연구에 활발하게 응용되고 있다.

한 사람(동일개체)의 다양한 조직 및 기관의 세포는 약 250개 이상의 세포 종류로 구성되어 있으며, 각각의 세포는 그 종류에 관계없이 같은 유전자 서열을 갖고 있기 때문에 각 세포별 구조적 또는 기능적 특성의 차이점은 유전자 발현 수준에서 결정되게 된다. 즉 DNA 염기서열 자체에는 변화가 없으나

세포가 분열되는 동안 DNA 또는 크로마틴 변형(chromatin modification)을 통해 유전자 발현 양상이 다음세대에 전달되는 현상이 나타나게 된다. 이와 같은 유전자 발현 및 조절에 관한 연구 분야가 에피유전체학(Epigenomics)이다. 구체적으로는 조직-세포 특이적인 전사인자의 작용, DNA 메틸화(methylation), 히스톤 단백질 변형(histone modification), non-coding RNA에 의한 조절기작 등이 복잡하게 작용하여 유전자 발현이 조절되는데, 이를 분석하여 유전되는 염기서열에 의해 결정되는 현상 이외의 주위 환경에 의한 유전자의 역동적인 발현 기전을 연구하는 분야이다[1].

우리나라의 만성질환은 국가의 예방관리 정책 및 사업으로 소기의 성과(인구 10만 명당 사망률의 지속적인 감소)를 보여

왔으나, 여전히 만성질환으로 인한 사망은 전체 사망의 81%를 차지하며, 사망원인 상위 10위 중 7개가 만성질환에 의한 것으로 보고되고 있다[2]. 또한, 당뇨병, 뇌혈관질환으로 인한 사망률은 OECD 주요국가 평균에 비해 높고, 급격한 인구 고령화 추세에 따라 우리나라뿐만 아니라 전 세계적으로도 관련 질환자의 증가가 예측되고 있어 해당 질환의 조기 진단과 치료를 위한 연구 필요성이 지속적으로 제기되고 있다. 특히, 당뇨는 인슐린 분비 결함이나 작용이상에 의한 만성 고혈당증이 특징으로 다양한 합병증을 유발하는 매우 주요한 만성질환이다. 우리나라 당뇨병의 대부분을 차지하는 것은 제2형 당뇨병으로, 당뇨병의 발병요인으로는 유전적 요인과 환경요인이 있지만, 특히 2형에서는 생활습관(환경영향)이 중요한 것으로 알려져 있다. 2013년 기준, 30세 이상 성인의 11.9%(약 320만 명)가 당뇨병 환자인데 반해, 26.4%(약 660만 명)는 제2형 당뇨병 전단계(pre-diabetes, 경계성 당뇨 또는 전당뇨)에 가까운 상태로 조기에 당뇨 및 관련 질환을

진단하거나, 그 질환발병을 억제하기 위한 기작을 이해하는 연구가 시급하다[3].

에피유전체는 암과 같은 유전적 영향이 높은 질환 뿐 아니라 비만, 당뇨병 등과 같이 환경, 생활습관 등의 영향을 많이 받는 만성질환에 있어서도 그 변이가 중요한 원인이작으로 이해되고 있으며[4], 때문에 많은 연구자들은 DNA 메틸화, 히스톤 변형, 그리고 그 상호 연관성을 연구해 왔다. 특히 질환과 관련한 유전체 연구인 전장유전체연관분석법(genome-wide association study) 등으로 다양한 질환 감수성 유전변이들이 다양한 인구집단에서 발굴 및 검증되어 왔는데, 에피유전체 연구는 개별 추가 연구와 유전체-에피유전체 통합분석 등을 통해 신규 마커 추가 발굴, 유전적 설명력 제고를 가져올 수 있을 것으로 기대되어 왔고, 그 성과는 현실로 나타나기 시작했다[5].

질병관리본부 국립보건연구원은 국내·외 다양한 유전체 연구와 더불어 당뇨, 비만, 만성신장질환 등의 만성질환 관련

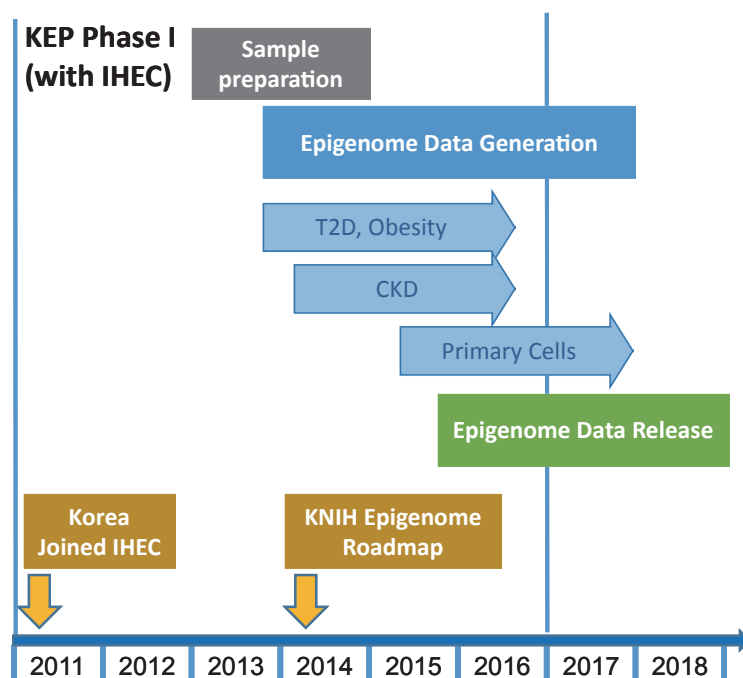


Figure 1. History of KEP (Korean Epigenome Project).

After 2019, the KEP Phase II (with IHEC) will be also implemented for the epigenome-wide association study, disease epigenome / exposome researches, etc.

위험인자 발굴을 위한 ‘한국인 에피유전체 정보생산(Korean Epigenome Project)’을 시작하였고, 2011년 12월, “국제인간에피유전체컨소시움(International Human Epigenome Consortium, 이하 IHEC)”에 우리나라의 대표기관으로 가입하였다. 미국 NIH Roadmap 에피유전체 프로그램이 기초가 되어, 유럽 Blueprint 프로그램, 독일, 캐나다, 일본, 한국, 싱가포르 등 7개국/기관이 참여하고 있는 IHEC은 ‘1000 Reference Epigenome’ (1,000개의 인간 참조에피유전체) 데이터 확보를 목표로 하는 연구프로젝트이다. 이 프로젝트에 의해 구축된 참조정보(1000 reference epigenome)는 각종 인체 조직·세포를 대상으로 생산되고, 건강과 다양한 질환 관련 에피유전변이를 이해하고, 치료법 개발 등에 사용하기 위한 비교·참조 정보로 활용될 수 있는 일련의 에피유전체 정보를 포함하고 있으며, 현재 홈페이지(ihec-epigenomes.net)내 데이터포털을 통해 전 세계 과학자를 포함한 일반에 공개하고 있다[6]. 본 사업의 참여를

통해 국립보건연구원에서는 한국인 주요 만성질환 관련 조직·세포의 에피유전체 데이터를 구축해 왔으며(Figure 1), 2015년을 기점으로 국내·외 연구자 등에 11종 세포의 한국인 유래 만성질환 관련 세포의 참조에피유전체 데이터를 공개하였다. 본 글에서는 에피유전체 정보 생산 현황 및 향후 활용 계획 등을 간추려 소개하고자 한다.

몸 말

한국인 에피유전체 정보생산 사업(Korean Epigenome Project, 이하 KEP)은 2012년부터 2015년까지 학술연구용역(비R&D) 및 정책연구용역사업으로 수행되었다. 구체적으로는 한국인 호발성 만성질환에 대한 질환 표적세포 시료를 확보하고, 주요 세포를 대상으로 전장에피유전체서열분석(WGBS, Whole-genome bisulfite sequencing), 히스톤 결합

Table 1. KNIH epigenome data and target cell types (as of 2015)

Target disease / Tissue origin	Cell-types	KNIH Epigenome [†]	No. of Cell-types
Type 2 Diabetes / Pancreas	Islet	31	5
	Beta cell		
	Alpha cell		
	Acinus		
	Duct		
Obesity / Fat tissue	Adipocyte	59	2
	Preadipocyte		
Chronic Kidney Disease / Kidney	Podocyte	22	5
	Mesangial cell		
	Proximal tubule		
	Distal tubule		
	Collecting duct		
Cell line (HCF, HCAoEC, HCASMC, HUVEC, HFLS, HC)		6	6
Total		118	18

Abbreviations: HCF, Human cardiac fibroblast; HCAoEC, Human cardiac aortic endothelial cell; HCASMC, Human coronary artery smooth muscle cell; HUVEC, Human umbilical vein endothelial cell; HFLS, Human fibroblast-like synovial cell; HC, Human chondrocyte

[†] KNIH Epigenome Set (WGBS, Whole-genome Bisulfite Sequencing; Histone ChIP-seq; mRNA-seq or -array; miRNA-seq; Infinium methylation chip; MBD (Methyl-CpG binding domain)-seq; Exome-seq)

유전체 정보(Histone ChIP-seq), 유전자 발현 분석(mRNA-seq 또는 mRNA-chip), 마이크로 RNA 발현 분석(miRNA-seq), 대용량 메틸화 분석(Infinium human methylation chip) 데이터로 구성된 질환-정상 비교연구 에피유전체 데이터와 참조에피유전체(reference epigenome, KNIH epigenome) 데이터세트를 생산해 왔다(Table 1).

당뇨 및 관련 질환의 참조에피유전체 정보생산

당뇨(Type 2 Diabetes, 제2형 당뇨) 환자의 췌장 조직을 수집하고, 조직으로부터 5종의 순수분리 세포를 확보하였다. 당뇨환자의 체내에서 분리된 췌장조직을 소화효소를 사용하여 1차 분해한 후, 정제를 거쳐 각 세포별 표지자(surface marker)에 따라 순수한 췌도세포(Islet) 및 베타(beta) 또는 알파(alpha)세포 그리고 추가적인 췌장샘포(acinus), 췌장관(duct)으로 최종 분리하였다. 비만(obesity)의 경우, 체질량지수(BMI) 27.5를 기준으로 환자 및 정상 지방조직을 수집하였고, 그로부터 5종의 순수분리 세포를 확보하였다. 혈관 및 결합조직이 제거된 조직에 소화효소 처리와 원심분리 방법, 그리고 세포표지자를 사용한 추가 분리를 통해 지방세포(adipocyte), 지방전구세포(pre-adipocyte), MQ(Macrophage) 2종, SVF(stromal vascular fraction)를 분리하였다. 신장 손상 및 신기능(사구체여과율, GFR) 저하 기준에 따라 진단되는 만성신장질환(Chronic Kidney Disease)은 특히 당뇨, 고혈압 등을 포함 다양한 원인질환을 기저에 가지고 있는 국내 호발성 만성질환이다. 신장적출을 하는 환자의 신장조직을 수집하고, 신장상태에 따라 정상 및 만성신장질환 조직으로 구분한 후, 신장 사구체 유래 세포인 발세포(podocyte), 메산지움세포(mesangial cell), 관세포 2종(proximal tubule, distal tubule) 및 세뇨관(collecting duct)을 순수 분리하였다.

당뇨, 비만 및 신장질환 관련 타겟조직 유래 세포들로부터 DNA, RNA, Chromatin-fixed cell 등 데이터 생산을 위한 시료를 확보하였으며, 정도관리 기준을 충족한 주요 세포에 대해 총 112건의 만성질환 관련 조직 유래 순수분리 세포의 참조에피유전체 데이터세트(KNIH epigenome set)를

생산하였다. 당뇨 및 비만의 경우 WGBS 등 최대 13개 분석(array)을 포함한 데이터세트로 구성되어 있으며, 비만 관련 시료의 Histone ChIP-seq은 2017년 상반기까지 생산될 예정이다. 반면, 만성신장질환 22건은 IHEC 기준의 10개 분석(KNIH epigenome set 중 Infinium array, MBD-seq, Exome-seq 제외)으로 구성되어 있다.

에피유전체사업 데이터의 공개

질병관리본부 국립보건연구원의 참조에피유전체 데이터는 IHEC 및 자체 공개 홈페이지를 통해 공개하게 된다. 특히 IHEC은 1000 Reference Epigenome 중 현재 생산 및 검증 완료된 데이터를 관련 학계 및 일반인 전체에 공개(<http://www.ihec-epigenomes.org/outcomes/datasets/>)하고 있으며, 이중 한국인 에피유전체 정보생산을 통해 확보한 Korean Epigenome Data는 공개 적합성 검토를 거쳐 2015년 하반기부터 일부 데이터(11건, 3종 데이터 총 33종)가 질병관리본부 국립보건연구원 홈페이지 내 링크를 통해 공개 되었으며(<http://152.99.75.168/KEP/>), 2016년 9월까지 기 공개된 11종 데이터의 원시데이터(raw data, 약 5 Terabyte)도 데이터 기탁사이트(EGA, European Genome-phenome Archive)를 통해 공개 완료 예정으로, 본 데이터 이용에 관심 있는 모든 연구자는 적절한 분양 절차를 통해 공개된 데이터 전체의 활용이 가능해 지게 된다. 또한 추가 확보된 참조에피유전체 데이터 세트는 2016년 하반기부터 매년 순차적으로 1차 가공데이터 및 원시데이터에 대해 추가 공개가 이뤄질 예정이다.

한국인 에피유전체 사업의 기대효과 및 전망

향후 KEP는 기후변화, 기술발전과 생활습관의 변화, 고령화 등의 건강위험 요인 증가에 따른 국가 보건 분야 연구개발 요구에 역점을 둔 질병관리본부 국립보건연구원의 사업방향에 부합하는 정보생산 및 활용 방안을 계획하고 있다. 특히 유전체-에피유전체의 통합 차세대 유전체 분석법의 개발과 핵심 에피유전체 데이터 분석 및 주요 질환 표적 세포의

에피유전체 데이터 구축이 만성질환의 유전체-에피유전체 마커 발굴 및 검증에 필수 전제조건이라는 것으로 판단하고, ‘한국인 에피유전체 증장기로드맵’의 제안 등을 참고하여[7], 이후 만성질환 관련 Histone ChIP-seq 데이터의 추가 확보 및 한국인 유래 원시세포기반 에피유전체 정보생산을 통해 한국인 유래 세포의 참조에피유전체 데이터 50종 이상이 IHEC 기준으로 완성될 것이다. 또한, 전장에피유전체연관분석(EWAS, Epigenome-wide association study)을 통해 멀티오믹스데이터 통합분석을 수행하고, IHEC 데이터 활용기반 구축을 통한 보건산업에의 활용방안 등을 검토 중에 있다.

맺는 말

본 글에서는 KEP의 성과와 미래 제안을 정리해 보았다. 에피유전체는 세포의 분화와 발생 뿐 아니라, 환경 및 생활습관 등의 건강행태에 영향을 받는 만성질환의 연구에 유용한 접근 방법으로, 현재까지 유전체 연구에 비해 오래되지는 않았으나 짧은 기간에 비해 비약적인 발전을 이뤄낸 연구 분야이다. 하지만, 에피유전체 연구는 거대과학의 성격을 띠는 분야로 국제 컨소시엄과 연계한 연구 활동과 더불어 질환관련 조직-세포를 대상으로 한 유전체, 에피유전체 등 멀티오믹스 기반 연구를 국가적으로 계속해나가야 할 필요성이 높은 분야로 판단된다. 본 사업을 통해 당뇨, 비만 등 국내 주요 만성질환에 대한 특이적인 원인 유전변이 발굴과 건강행태(환경영향, Exposome) 관련 후보 에피유전변이의 추가 발굴 및 검증을 수행할 수 있을 것으로 판단되며, 향후 관련하여 추가적으로 질환네트워크분석, 환경영향분석 등의 에피유전체 연구가 수행된다면, 한국인 주요 만성질환의 예측·예방 연구, 에피유전체 진단·치료제 개발 등 다양한 분야로의 접근 및 활용을 통하여 만성질환 극복에 크게 기여할 것으로 기대한다.

참고문헌

1. Jones PA, et.al, 2008 Moving AHEAD with an international human epigenome project. Nature Aug;454(7205):711-5.
2. 통계청, 2013 사망원인통계(보도자료) : http://kostat.go.kr/portal/korea/kor_nw/2/6/2/index.board
3. 질병관리본부, 2015 만성질환 현황과 이슈-만성질환 Factbook : <http://cdc.go.kr/CDC/notice/CdcKrintro0504.jsp?menuIds=HOME001-MNU1154-MNU0004-MNU0110&cid=65024>
4. Portela A, Esteller M, 2010. Epigenetic modifications and human disease. Nat Biotechnol. Oct;28(10):1057-68.
5. Romanoski CE, Glass CK, Stunnenberg HG, Wilson L, Almouzni G, 2015. Epigenomics: Roadmap for Regulation. Nature. Feb;518(7539):314-6.
6. IHEC, International Human Epigenome Consortium : <http://www.ihec-epigenomes.net>
7. 김영준, 2014. 한국인 후성유전체사업 증장기로드맵 구축, 질병관리본부 정책연구용역사업 최종결과보고서

약독화 백시니아 바이러스주 KVAC103을 이용한 백신전달체 개발

질병관리본부 국립보건연구원 감염병센터 백신연구과 이윤정, 손호선, 여상구, 유정식, 이상원*

*교신저자: epilsw@korea.kr / 043-719-8150

Abstract

Development of Viral Vector Using Attenuated Vaccinia Virus Strain, KVAC103

Division of Vaccine Research, Center for Infectious Disease, NIH, CDC
Lee Yoon jung, Son Ho sun, Yeo Sang gu, Yoo Jung sik, Lee Sang won

BACKGROUND: KVAC103 is a highly attenuated vaccinia virus strain, developed for third-generation smallpox vaccine at the Korean National Institute of Health (KNIH). It is created through multiple propagations and plaque isolation of conventional smallpox vaccine strain of vaccinia virus in Vero cells. It has a 19.5-kb deletion in the left wing of the genome and can replicate only in restricted mammalian cell lines. Using KVAC103, we constructed a recombinant viral vector for preventive and therapeutic vaccines.

METHODOLOGY: To improve the replication of the virus and develop efficient recombinant virus production methods, the plasmid shuttle vectors, containing C7L or K1L, were constructed and tested for recombinant virus production.

RESULTS: Using the plasmid shuttle vectors containing these genes, the recombinant viruses from KVAC103 strain were easily obtained. The recombinant viruses replicated efficiently in diverse mammalian cell lines and expressed higher levels of GFP antigens.

CONCLUSION: Recombinant KVAC103 vaccinia virus can be used as a unique viral vector to overcome the difficulties in developing vaccines against some infectious diseases and cancers by inducing effective humoral and cellular immune responses. Additionally, this method may be used for rapid vaccine development against threatening outbreaks

들어가는 말

백시니아 바이러스는 예로부터 두창(천연두)의 예방백신으로 이용되어 왔으며 살아있는 바이러스를 체내에 접종하여 강력하고 다양한 체액성 및 세포매개성 면역반응을 유도함으로써 두창 박멸에 크게 기여한 바 있다[1]. 1980년 세계보건기구(WHO)의 두창박멸 선언 이후 더 이상 생산과 접종이 필요 없게 되었으나 2000년대 들어, 탄저에 의한 미국의 대규모 피해 사례 등을 통해 두창의 생물테러 무기 사용 가능성이 높아지면서 두창백신의 필요성이 크게 대두되었다. 하지만 야생형 백시니아를 사용하는 기존의 대동물체내에서 증식한 1세대 백신이나 비약독화 세포배양 2세대 백신은

염증유발 등 여러 가지 부작용으로 특히, 면역저하자, 노약자, 임산부 등 특정인들에게 사용이 제한될 수 있다는 단점이 있어 미국 등 선진국에서는 이를 극복하기 위한 차세대 두창백신 개발에 많은 노력을 기울이고 있다.

백시니아 바이러스는 두창백신으로서 뿐만 아니라 백신전달체로서 주목받고 있는데 비교적 큰(약 180kb) 선형 DNA 게놈을 가지고 있어 여러 가지 항원 유전자를 탑재할 수 있다. 또한 강력한 면역유발 능력을 가지고 있어 개발이 어려운 감염병 치료 및 예방 백신, 항암백신 등을 위한 백신전달체로서 사용 될 수 있으며 약독화 백시니아 바이러스에 외래 유전자를 삽입하면 더욱 안전하고 부작용이 적은 재조합 백신을 만들 수 있다.

질병관리본부는 자체연구를 통해 3세대 약독화 두창백신 후보주 KVAC103을 개발하였으며 현재 이를 실용화하기 위한 연구를 진행하고 있다. 본 글에서는 약독화 백시니아 바이러스인 KVAC103을 이용한 백신전달체 개발 연구에 대해 소개하고자 한다.

몸 말

KVAC103은 과거 두창 백신용으로 생산된 백시니아 바이러스를 원숭이 신장유래의 베로(vero) 세포에서 103회 이상 계대후 단일 플라크를 2회 분리하여 얻은 것으로, 토끼의 피부에 접종했을 때 기존 백신주에 비해 극히 적은 피부염증 반응을 보였으며, 5일령 신생마우스 뇌에 접종한 생존 실험에서도 독성이 현저히 감소된 특징을 나타내었다. KVAC103은 기존백신주에 비해 숙주세포가 제한적이고, Vero 세포에서는 낮은 혈청 농도에서 증식이 되는 특징이 있으며 비교적 작은 크기의 플라크를 형성한다. KVAC103의 전체게놈 염기서열 분석을 통해 좌측날개에서 19.5kb 영역과 우측날개에서 2.5kb 영역이 deletion 되어 있으며 이것이 본 바이러스의 약독화

특성에 기여하는 것을 확인하였다(Figure 1). 이를 활용하여, 약독화 백시니아 바이러스 KVAC103을 모바이러스로, 외래 항원 유전자를 삽입함으로써 안전성이 뛰어나고 재조합 효율이 높은 백신전달체를 개발하기 위한 연구를 수행하였다.

재조합 백시니아 바이러스를 만들기 위하여, 먼저 TK 부위에 상동재조합으로 외래유전자를 삽입할 수 있는 플라스미드 전달백터를 고안하였다. 이 전달백터는 상동재조합에 필요한 TK부위의 좌측 및 우측 염기서열, 강력한 early-to-late 프로모터, 녹색형광단백질(GFP) 유전자, 그리고 백시니아 바이러스의 숙주영역 유전자(host range gene)인 C7L 또는 K1L을 포함하였다. C7L과 K1L은 interferon antagonist로 작용하는 숙주영역유전자로서 원래 야생형 백시니아의 좌측날개에 존재했던 유전자인데 KVAC103의 경우 약독화 과정에서 deletion 된 것이다. 야생형 백시니아 바이러스에 외래유전자를 삽입하는 경우 재조합 바이러스의 비율은 통상 0.1~1% 정도로 낮지만, pVVT1을 이용한 숙주영역 유전자를 삽입한 이 플라스미드 전달백터를 KVAC103에 적용하면 100% 가까운 높은 비율로 재조합 바이러스를 얻을 수 있었다(Figure 2). 이 유전자를 다시 플라스미드 전달백터에 삽입한 결과 외래 유전자의 재조합 효율이 극적으로 향상되었다.

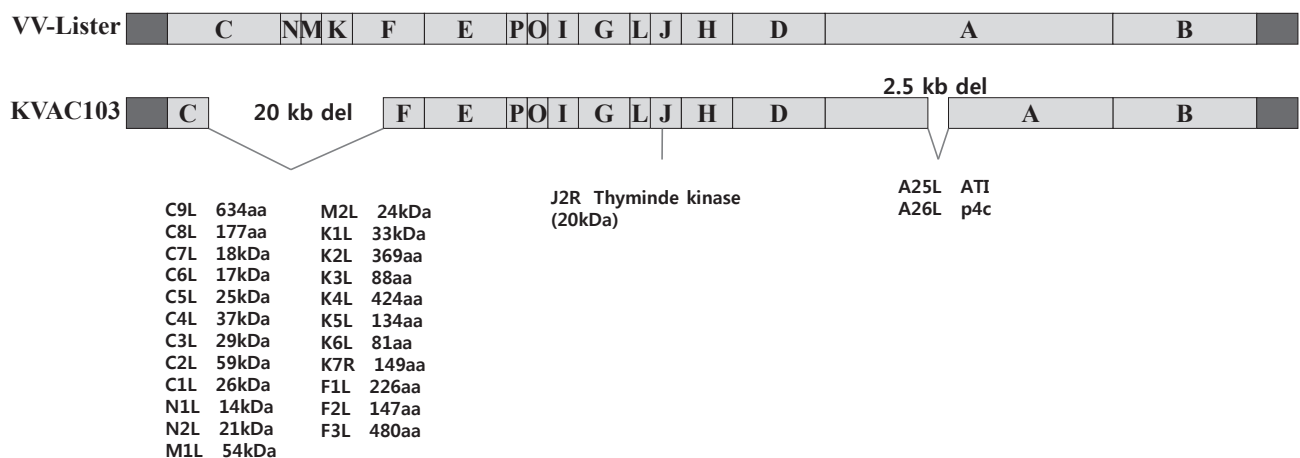


Figure 1. Genetic deletion of KVAC103

KVAC103 is deleted about 10% compared to conventional vaccinia virus strain

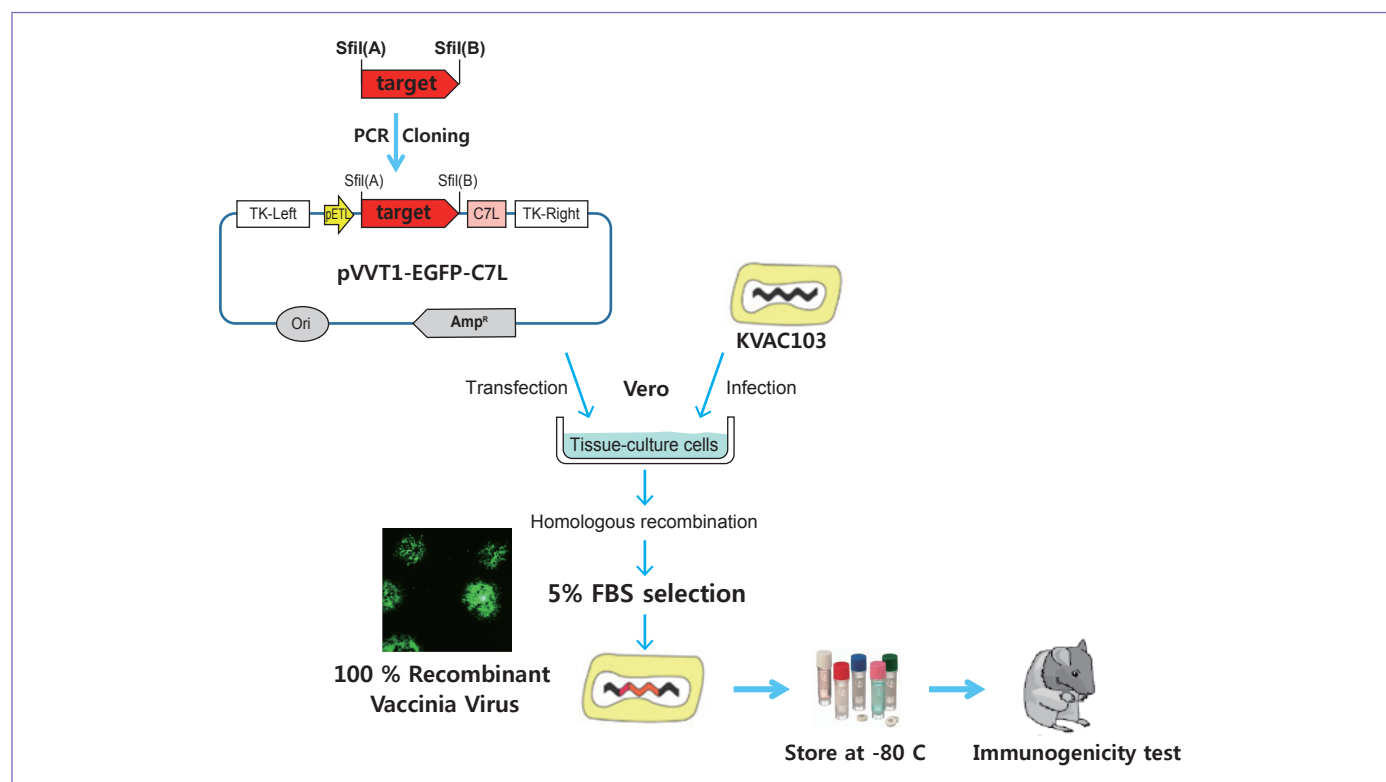


Figure 2. Recombinant KVAC103 virus production procedure for vaccine development.

The desired protective antigen genes are inserted into the *SfiI* sites of the pVVT1-EGFP-C7L vector. The recombinant viruses can be easily produced by infecting Vero cells with KVAC103 virus and transfecting the shuttle plasmids simultaneously, and culturing in 5% serum-supplemented media.

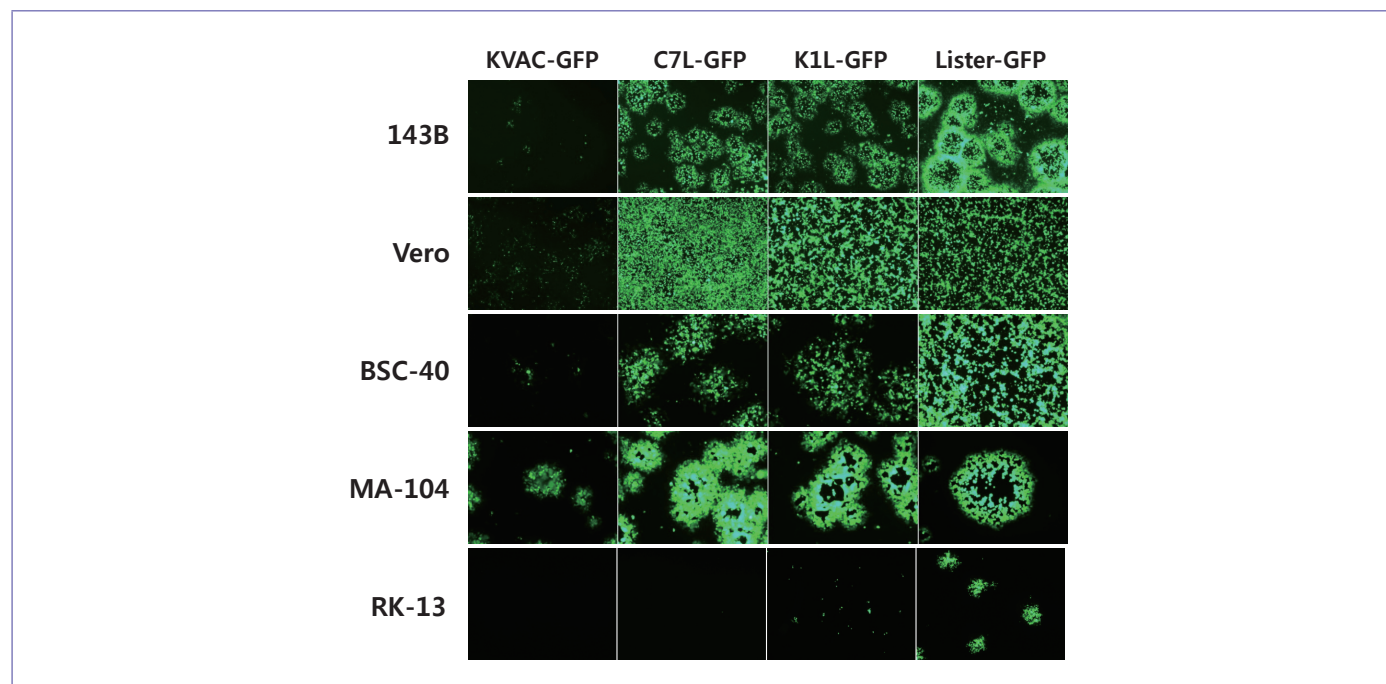


Figure 3. The spreading of C7L- and K1L-rescued recombinant viruses in diverse mammalian cell lines.

Monolayer cultured Cells were infected with each virus and cultured for 48 hours at 37°C in a 5% CO₂ incubator. The spreading of C7L- and K1L-rescued virus replication in 143B, Vero, BSC-40, and MA-104 cells was greatly expanded.

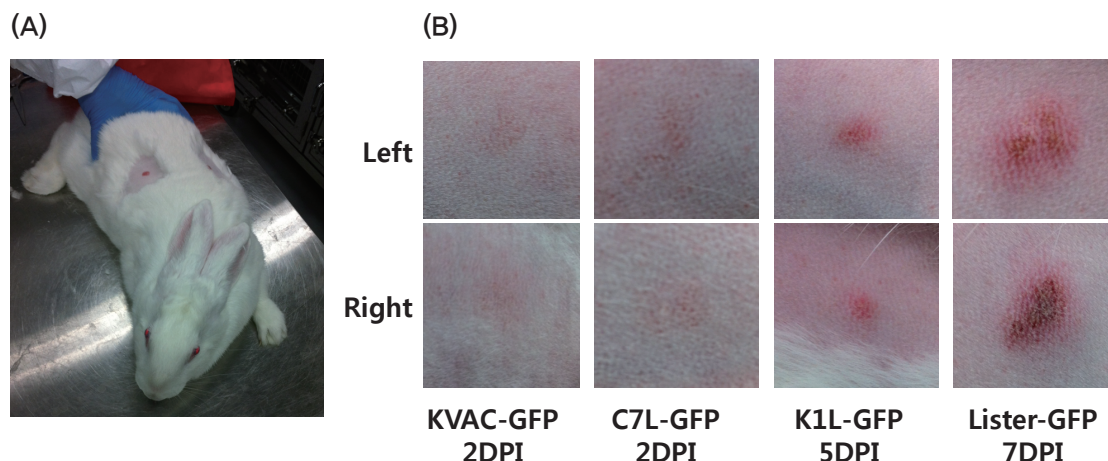


Figure 4. Rabbit skin toxicity of the recombinant viruses.

(A) Rabbit skin was shaved and scarified with needles; each recombinant vaccinia virus was inoculated at the scarified sites.

(B) The skin lesions of the rabbits at the severest time.

녹색형광단백질이 삽입된 KVAC103 유래의 3가지 재조합 바이러스들을 5종의 포유동물 유래의 세포주(143B, Vero, BSC-40, MA-104, RK-13)에 감염시키고 증식성을 비교한 결과, 숙주영역유전자 C7L 또는 K1L이 삽입된 재조합 바이러스는 대부분의 세포에서 KVAC103-GFP에 비해 증식성이 향상되었다는 것을 플라크 형성양성(크기 등)을 통해 확인할 수 있었다(Figure 3). 또한, 토끼의 피부에 기존 사용중인 Lister 백신주와 재조합 바이러스를 접종하여 피부독성을 비교한 결과, 모 바이러스인 KVAC103-GFP와 C7L이 삽입된 바이러스는 Lister에 비해 피부독성반응이 거의 없었으며, K1L이 삽입된 바이러스는 피부독성이 다소 증가하였으나 야생형의 Lister-GFP에 비해서 독성이 약한 것으로 확인되었다(Figure 4).

연구가 활발히 진행되고 있다. 질병관리본부에서는 본 연구를 통해 개발된 재조합 기술을 사용하여 외래항원이 삽입된 재조합 백신이나 바이러스 획득 가능성을 높일 수 있었다. 제작된 재조합 바이러스는 체내의 다양한 면역기전을 자극함으로써 탑재된 특정항원의 면역능 유도를 위한 효과적인 백신전달체로서 역할을 수행할 수 있을 것으로 기대된다. 또한, 본 연구결과인 모 바이러스주 KVAC103에 대한 특허[2]와 재조합 백신전달체 기술에 관한 특허[3]의 국내등록이 완료되었으며, 현재 이를 기반으로 차세대결핵백신, 탄저-두창백신, 그리고 지카바이러스 예방백신 등의 다양한 재조합 백신 개발 연구를 수행하고 있다. 향후 지속적인 연구를 통해 결핵, C형간염, 치료용 암백신 등 개발이 어려운 백신분야[4,5]와 전 세계적인 감염병 대유행 상황에 신속하게 대응하기 위한 백신 플랫폼으로 적극 활용할 예정이다.

맺는 말

최근, MVA (Modified Vaccinia Ankara) 등 차세대 두창백신주를 이용한 감염병 예방백신 및 암치료 백신의 개발

참고문헌

1. Fenner, F. et al, Smallpox and its eradication, WHO (Geneva), 1988

2. “약독화 백시니아 바이러스주 KVAC103” 특허등록 제10-2014-0140150호, 질병관리본부
3. “KVAC103 유래의 재조합 백시니아 바이러스” 특허등록 제10-2014-0140151호, 질병관리본부
4. Gómez CE, José L, et al. The Poxvirus Vectors MVA and NYVAC as Gene Delivery Systems for Vaccination Against Infectious Diseases and Cancer. *Current Gene Therapy*, 2008, 8(2):97-120.
5. Arwen F. Altenburg, et al. Modified Vaccinia Virus Ankara (MVA) as Production Platform for Vaccines against Influenza and Other Viral Respiratory Diseases. *Viruses* 2014, 6:2735-61

Current status of selected infectious diseases

1. Hand, Foot and Mouth Disease (HFMD), Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)

- 2016년도 제37주 수족구병 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 6.3명으로 지난주(7.8)보다 감소

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

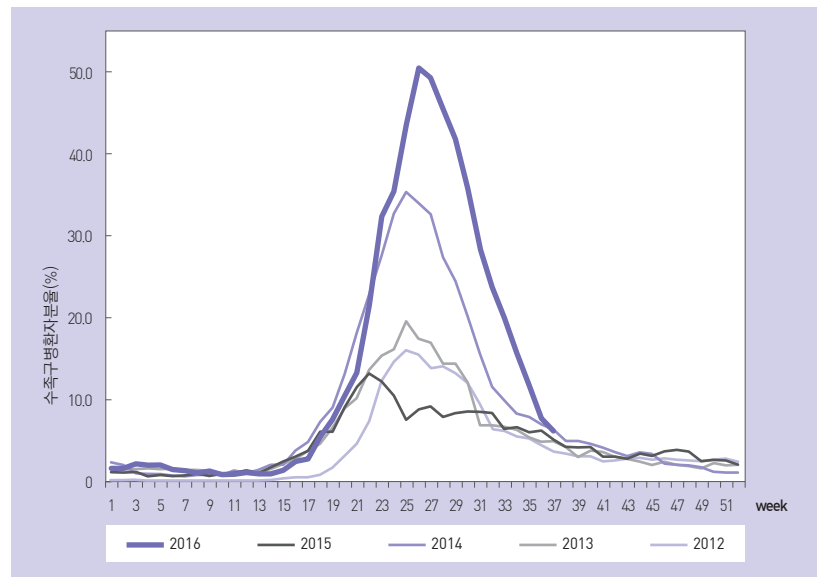


Figure 1. The status of HFMD sentinel surveillance, 2012-2016

2. Influenza, Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)

- 2016년도 제37주 인플루엔자의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 4.6명으로 지난주(3.8)보다 증가
- 제36주에 의뢰된 호흡기 검체 222건 중 인플루엔자 바이러스 검출 없음

※ 2016.1.14. 인플루엔자 유행주의보 발령[2015-2016절기 유행기준은 11.3명 (/1,000)]

※ 2016.5.27. 인플루엔자 유행주의보 해제

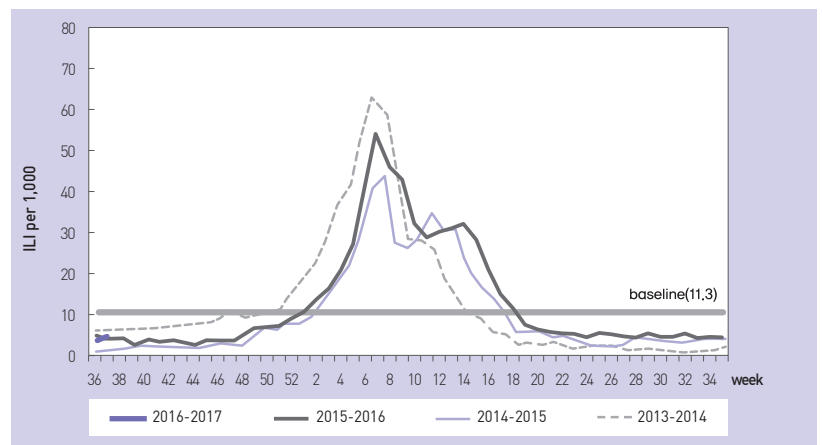


Figure 2. The weekly proportion of Influenza-Like Illness per 1,000 outpatients, 2012-2013 to 2015-2016 flu seasons

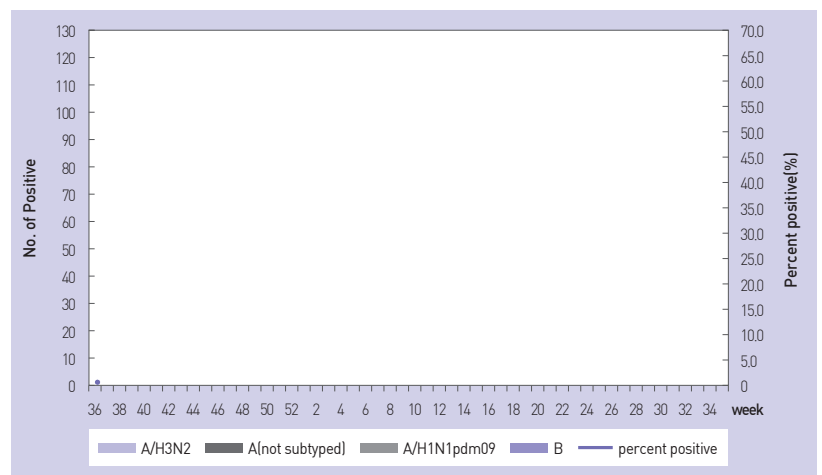


Figure 3. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2015-2016 season

3. Ophthalmologic, Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)

- 2016년도 제37주 유행성각결막염의 외래환자 1,000명당 분율은 41.6명으로 지난주 35.8명보다 증가하였음
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.6명으로 지난주 0.6명과 동일함

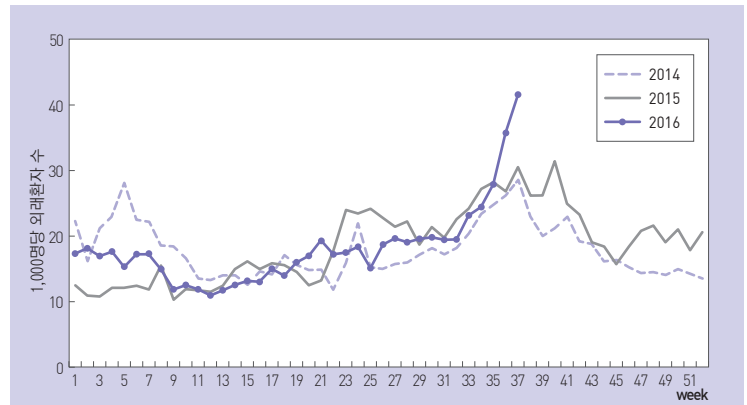


Figure 4. The weekly proportion of Epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

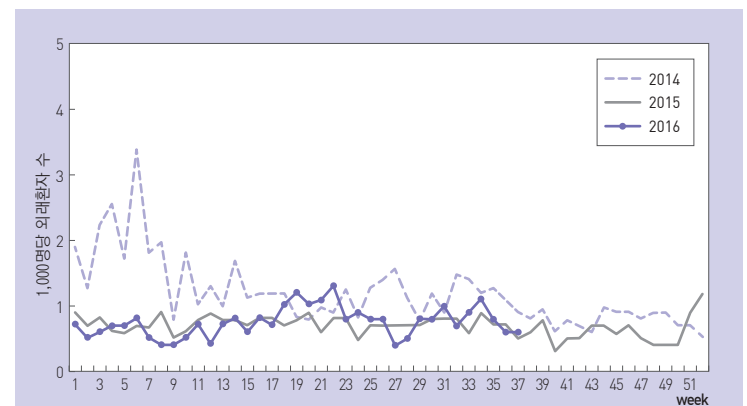


Figure 5. The weekly proportion of Acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Waterborne & Foodborne disease outbreaks, Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)

- 2016년도 제37주에 집단발생이 26건이 발생하였으며 누적발생건수는 362건(환례수 5,403명)이 발생함

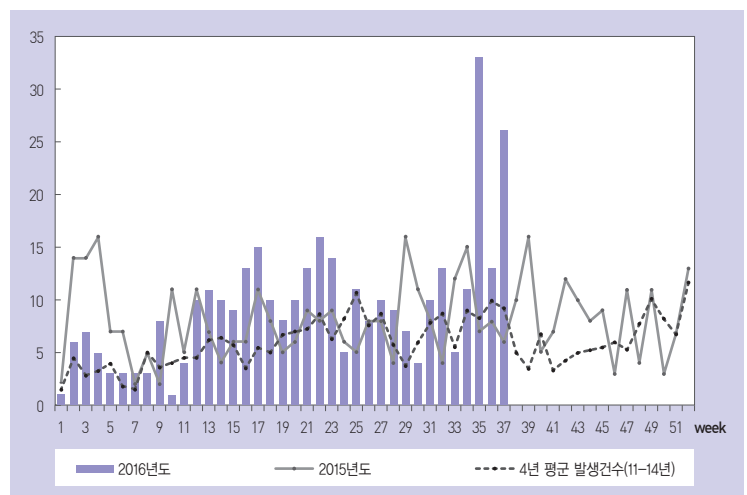


Figure 6. Number of Waterborne & Foodborne disease outbreaks reported by week, 2015-2016

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)*unit: no. of cases[†]

Classification of disease [‡]		Current week	Cum. 2016	5-year weekly average [§]	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country(no. of cases)
					2015*	2014	2013	2012	2011	
Group I	Cholera	0	4	0	0	0	3	0	3	
	Typhoid fever	3	104	3	121	251	156	129	148	
	Paratyphoid fever	7	52	2	44	37	54	58	56	China(1)
	Shigellosis	4	83	2	88	110	294	90	171	Laos(1)
	EHEC	6	82	1	71	111	61	58	71	
	Viral hepatitis A	60	3,393	35	1,804	1,307	867	1,197	5,521	Vietnam(1)
Group II	Pertussis	5	100	3	205	88	36	230	97	
	Tetanus	2	22	0	22	23	22	17	19	
	Measles	7	37	1	7	442	107	3	42	
	Mumps	370	12,185	297	23,448	25,286	17,024	7,492	6,137	
	Rubella	4	51	1	11	11	18	28	53	
	Viral hepatitis B (Acute)	4	317	4	155	173	117	289	462	
	Japanese encephalitis	0	2	1	40	26	14	20	3	
	Varicella	546	34,611	308	46,330	44,450	37,361	27,763	36,249	
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	4	342	1	228	36	–	–	–	
Group III	Malaria	17	574	20	699	638	445	542	826	Nigeria(1), Papua New Guinea(1)
	Scarlet fever [§]	175	7,948	41	7,002	5,809	3,678	968	406	
	Meningococcal meningitis	0	4	0	6	5	6	4	7	
	Legionellosis	2	85	0	45	30	21	25	28	
	<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis	6	37	5	37	61	56	64	51	
	Murine typhus	0	10	0	15	9	19	41	23	
	Scrub typhus	70	1,042	24	9,513	8,130	10,365	8,604	5,151	
	Leptospirosis	5	64	3	104	58	50	28	49	
	Brucellosis	8	27	0	5	8	16	17	19	
	Rabies	0	0	0	0	0	0	0	0	
	HFRS	13	266	6	384	344	527	364	370	
	Syphilis	35	1,131	19	1,006	1,015	799	787	965	China(1)
	CJD/vCJD	2	35	1	33	65	34	45	29	
	Tuberculosis	707	23,431	686	32,181	34,869	36,089	39,545	39,557	
	HIV/AIDS	18	688	22	1,018	1,081	1,013	868	888	
	Dengue fever	27	342	6	255	165	252	149	72	Philippines(9), Thailand(4), Singapore(3), Vietnam(3), Cambodia(2), Guam(1), Hongkong(1), India(1), Laos(1), Malaysia(1), Unknown(1)
Group IV	Q fever	12	70	0	27	8	11	10	8	
	West Nile fever	0	0	0	0	0	0	1	0	
	Lyme Borreliosis	2	31	0	9	13	11	3	2	
	Melioidosis	0	4	0	4	2	2	0	1	
	Chikungunya fever	1	5	0	2	1	2	0	0	Philippines(1)
	SFTS	0	60	3	79	55	36	–	–	
	MERS	0	0	0	185	–	–	–	–	
	Zika virus infection	0	10	0	–	–	–	–	–	

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, MERS–CoV= Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus.

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

* The reported data for year 2016 are provisional but the data from 2011 to 2015 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 Hansen's disease and no incidence data such as Diphtheria, Poliomyelitis, *Haemophilus influenzae* type b, Epidemic typhus, Anthrax, Plague, Yellow fever, Viral hemorrhagic fever, Smallpox, Severe Acute Respiratory Syndrome, Animal influenza infection in humans, Novel Influenza, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome and Tick–borne Encephalitis.

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

※ 문의: (043) 719–7176

Table 2. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Cholera		Typhoid fever		Paratyphoid fever		Shigellosis		Enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i>		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. 4-year average	Current week	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 5-year average [§]								
Total	0	4	0	3	104	127	7	52	38	4	83	90	6	82	60	3,393	1,811	5	100	208	2	22	13	
Seoul	0	0	0	0	19	25	1	10	9	1	16	19	0	9	17	559	345	3	25	12	0	1	2	
Busan	0	1	0	0	10	7	0	9	2	0	6	6	2	5	3	2	364	64	0	9	6	0	5	2
Daegu	0	0	0	0	1	4	1	6	1	2	5	2	1	4	9	1	96	23	0	2	53	0	0	0
Incheon	0	0	0	0	7	4	1	2	3	0	8	11	0	11	4	7	170	265	0	7	6	0	0	0
Gwangju	0	1	0	0	2	6	1	3	2	0	3	2	0	9	12	3	127	62	0	4	4	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	2	6	1	4	2	0	1	1	0	2	1	2	144	51	0	1	54	0	1	0
Ulsan	0	0	0	0	3	1	0	0	1	0	0	1	0	4	5	0	60	17	0	2	0	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13	2	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	0	0	0	0	17	22	1	3	8	0	16	22	1	18	5	16	858	609	0	11	8	0	4	1
Gangwon	0	0	0	0	1	1	1	2	0	0	0	1	0	1	0	1	65	63	0	0	1	0	0	2
Chungbuk	0	0	0	1	4	2	0	3	2	0	5	2	0	2	1	2	90	58	0	1	0	0	1	0
Chungnam	0	0	0	1	14	6	0	0	2	0	5	5	1	4	4	1	193	64	0	2	5	0	1	1
Jeonbuk	0	0	0	0	2	2	0	4	1	0	3	1	1	2	0	6	138	81	0	2	1	0	0	0
Jeonnam	0	0	0	0	5	7	0	3	1	0	7	6	0	3	4	0	184	45	0	7	36	0	4	1
Gyeongbuk	0	0	0	0	6	7	0	0	1	0	1	2	0	1	1	1	96	27	0	10	6	2	3	2
Gyeongnam	0	2	0	1	10	27	0	3	3	1	5	8	0	2	2	1	211	29	0	6	14	0	2	2
Jeju	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	1	0	5	2	0	25	6	2	11	2	0	0	0

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

* The reported data for year 2016 are provisional but the data from 2011 to 2015 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. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Measles			Mumps			Rubella			Viral hepatitis B (Acute)			Japanese encephalitis			Varicella			Malaria			Scarlet fever‡		
	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 4-year average	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016
Total	7	37	122	370	12,185	10,353	4	51	27	4	317	167	0	2	4	546	34,611	24,554	17	574	534	175	7,948	1,731
Seoul	3	15	23	37	1,185	1,024	0	6	4	1	55	21	0	1	1	62	4,033	2,360	2	81	64	13	946	253
Busan	0	1	5	26	805	755	0	1	5	0	19	22	0	0	0	44	2,334	2,085	0	7	10	16	552	187
Daegu	0	1	2	12	343	355	0	1	2	0	13	4	0	0	1	23	1,745	1,685	1	12	7	8	349	141
Incheon	2	3	12	12	493	589	0	0	1	1	12	25	0	0	0	24	1,554	1,799	1	67	100	7	365	101
Gwangju	0	0	1	60	807	707	0	1	0	0	7	3	0	1	0	20	931	651	1	1	2	6	516	91
Daejeon	0	1	3	10	245	467	0	3	0	0	11	6	0	0	0	44	1,428	489	0	4	3	8	271	62
Ulsan	0	2	1	13	435	374	0	1	1	0	5	4	0	0	0	24	1,114	830	0	6	3	6	423	80
Sejong	0	0	0	1	24	21	0	1	0	0	1	1	0	0	0	5	187	35	0	1	0	0	35	4
Gyeonggi	0	4	32	77	2,915	2,111	0	15	7	1	79	33	0	0	1	119	9,198	6,698	8	332	271	58	2,225	66
Gangwon	0	2	1	10	298	442	0	1	1	0	16	7	0	0	0	16	1,336	1,349	0	24	31	1	77	37
Chungbuk	0	1	2	7	212	184	0	1	1	0	12	2	0	0	0	8	739	588	1	6	7	2	131	37
Chungnam	0	2	3	10	483	374	1	2	1	0	16	5	0	0	0	26	1,308	962	0	5	7	9	368	115
Jeonbuk	0	0	1	14	640	939	0	3	1	0	27	11	0	0	0	27	1,160	905	0	1	6	3	220	105
Jeonnam	0	0	9	15	563	454	0	1	0	0	16	5	0	0	0	18	1,499	948	0	7	4	14	372	74
Gyeongbuk	2	5	5	11	566	398	3	11	2	0	13	5	0	0	1	32	1,765	908	0	7	8	7	431	161
Gyeongnam	0	0	22	53	2,026	869	0	3	1	1	13	13	0	0	0	43	3,237	1,669	3	10	9	17	610	192
Jeju	0	0	0	2	145	290	0	0	0	0	2	0	0	0	0	11	1,042	593	0	3	2	0	57	25

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

* The reported data for year 2016 are provisional but the data from 2011 to 2015 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.

¶ 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 September 10, 2016 (37th week)*

unit: no. of cases†

Provinces	Meningococcal meningiti			Legionellosis			<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis			Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis			Hemorrhagic fever with renal syndrome		
	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2016
Total	0	4	5	2	85	21	6	37	27	0	10	8	70	1,042	281	5	64	13	8	27	8	13	266	134
Seoul	0	2	1	0	24	5	0	4	3	0	2	2	11	87	13	0	3	1	2	7	0	0	15	7
Busan	0	0	1	0	5	3	2	2	3	0	1	1	2	50	17	1	3	1	0	1	0	1	7	5
Daegu	0	1	0	0	3	0	0	1	0	0	0	0	4	16	5	0	1	0	1	4	1	0	2	0
Incheon	0	0	0	0	7	1	1	4	1	0	1	1	1	38	7	0	0	0	0	0	0	0	3	5
Gwangju	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	32	4	0	1	0	0	1	0	0	4	1
Daejeon	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	31	9	0	2	0	0	0	0	0	6	2
Ulsan	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	4	39	7	0	0	0	0	1	1	0	2	1
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Gyeonggi	0	0	2	0	19	3	2	7	5	0	3	2	11	184	35	1	18	2	1	1	0	5	94	43
Gangwon	0	0	0	0	4	4	0	0	0	0	0	0	3	50	13	1	6	1	0	1	0	1	9	14
Chungbuk	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	1	13	6	0	4	1	2	3	1	2	20	8
Chungnam	0	0	1	0	2	1	0	1	1	0	1	1	5	67	21	2	5	2	0	1	1	1	27	11
Jeonbuk	0	0	0	0	1	0	1	3	2	0	0	0	4	58	34	0	5	0	0	3	1	1	13	8
Jeonnam	0	0	0	0	3	0	0	4	6	0	1	0	11	178	48	0	10	2	0	0	0	1	24	10
Gyeongbuk	0	1	0	1	4	1	0	2	1	0	0	1	1	91	14	0	0	1	2	3	2	0	20	13
Gyeongnam	0	0	0	0	6	1	0	5	4	0	0	0	9	94	43	0	4	2	0	0	0	1	18	5
Jeju	0	0	0	1	2	0	0	2	0	0	0	0	0	10	4	0	2	0	0	1	1	0	2	0

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

* The reported data for year 2016 are provisional but the data from 2011 to 2015 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.

§ 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 September 10, 2016 (37th week)*

unit: no. of cases[†]

Provinces	Syphilis			CJD/vCJD			Dengue fever			Q fever			Lyme Borreliosis			Meliodosis			SFTS			Tuberculosis		
	Current week	Cum. 2016	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 2016	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 2016	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 2016	Cum. 2-year average	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]
Total	35 1,131	630	2 35 34	27 342	123	123	12 70	7	2 31	3	0 60	19	0 10	0	10	0 19	0 10	0 10	0 10	0 10	0 10	707 23,431	26,314	
Seoul	6 257	95	0 12 6	5 134	37	37	2 16	1	0 14	2	0 3	1	0 4	0	4	0 1	0 4	0 4	0 4	0 4	0 4	124 4,455	5,299	
Busan	1 40	47	0 1 3	2 20	9	9	0 1	0	0 0	0	0 0	0	0 0	0	0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	44 1,704	2,079	
Daegu	3 45	28	0 1 3	2 17	4	4	3 4	0	0 0	0	0 1	1	0 0	0	0	0 1	0 0	0 1	0 0	0 0	0 0	26 1,121	1,400	
Incheon	5 116	61	0 3 1	4 15	5	5	0 0	0	0 0	0	0 2	0	0 1	0	1	0 2	0 1	0 2	0 1	0 1	0 1	53 1,216	1,349	
Gwangju	2 54	18	0 0 1	0 4	1	1	0 1	0	0 0	0	0 1	0	0 0	0	0	0 1	0 0	0 1	0 0	0 0	0 0	24 583	672	
Daejeon	0 32	13	0 1 1	1 7	6	6	0 1	0	0 3	0	0 1	1	0 0	0	1	0 1	0 0	0 1	0 0	0 0	0 0	12 486	616	
Ulsan	0 16	10	0 0 0	0 1	1	1	0 1	0	0 0	0	0 0	0	0 0	0	0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	20 527	565	
Sejong	0 7	1	0 1 0	0 0	1	1	0 1	0	0 0	0	0 0	0	0 0	0	0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	0 0	1 71	50	
Gyeonggi	9 282	163	2 8 7	9 81	33	33	1 8	1	0 3	1	0 7	1	0 1	0	1	0 7	1 0	1 0	0 1	0 1	0 1	162 5,128	5,325	
Gangwon	2 35	21	0 0 2	0 6	2	2	0 0	0	0 3	0	0 7	1	0 2	0	2	0 7	1 0	2 0	0 2	0 2	0 2	32 962	1,030	
Chungbuk	0 23	16	0 1 1	2 5	2	2	4 15	1	0 1	0	0 2	1	0 0	0	2	0 2	1 0	2 1	0 0	0 0	0 0	17 776	749	
Chungnam	1 41	21	0 3 2	0 7	3	3	1 7	2	1 2	0	0 4	1	0 0	0	4	0 4	1 0	0 4	0 0	0 0	0 0	31 1,071	1,051	
Jeonbuk	0 21	18	0 1 1	0 9	3	3	1 6	0	1 1	0	0 1	1	0 0	0	1	0 1	1 0	0 1	0 0	0 0	0 0	35 937	940	
Jeonnam	3 52	14	0 0 1	0 5	3	3	0 2	0	0 0	0	0 5	2	0 2	0	5	0 5	2 0	2 0	0 2	0 2	0 2	26 1,095	1,241	
Gyeongbuk	2 26	32	0 1 3	1 9	4	4	0 1	1	0 2	0	0 14	4	0 0	0	14	0 4	0 0	0 14	0 0	0 0	0 0	44 1,636	1,889	
Gyeongnam	1 49	49	0 2 2	1 18	8	8	0 6	1	0 2	0	0 8	2	0 0	0	8	0 2	0 0	0 8	0 0	0 0	0 0	48 1,445	1,763	
Jeju	0 35	23	0 0 0	0 4	1	1	0 0	0	0 0	0	0 4	3	0 0	0	4	0 4	0 0	0 4	0 0	0 0	0 0	8 218	304	

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

* The reported data for year 2016 are provisional but the data from 2011 to 2015 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 3. Reported cases[†] of national sentinel surveillance disease in the Republic of Korea, week ending September 10, 2016 (37th week)

unit: no. of cases/sentinels

	Viral hepatitis			Sexually Transmitted Diseases											
	Hepatitis C			Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2016	Cum. 5-year average [§]
Total	2.2	28.9	29.6	3.5	11.8	8.3	2.9	22.3	17.4	2.2	23.3	18.9	1.6	14.4	11.3

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.

※ 문의: (043) 719-7175, 7178

주요 통계 이해하기

〈Table 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2016년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 「Current week」는 2016년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 「Cum, 2016」은 2016년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 「5-year weekly average」는 지난 5년(2011-2015년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 25주) 평균으로 계산된다. 그러므로 「Current week」과 「5-year weekly average」의 신고건수를 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) 2015년 12주의 「5-year weekly average(5년간 주 평균)」는 2011년부터 2015년의 10주부터 14주까지의 신고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

* 5-year weekly average(5년 주 평균)=(X1 + X2 + ... + X25)/25

	10주	11주	12주	13주	14주
2015년			해당 주		
2014년	X1	X2	X3	X4	X5
2013년	X6	X7	X8	X9	X10
2012년	X11	X12	X13	X14	X15
2011년	X16	X17	X18	X19	X20
2010년	X21	X22	X23	X24	X25

〈Table 2〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병 보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 「Cum, 5-year average」와 「Cum, 2016」을 비교해 보면 최근까지의 누적 신고건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 신고건수와 비교가 가능하다. 「Cum, 5-year average」는 지난 5년(2011-2015년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다.

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

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, 주간 건강과 질병 PHWR

www.cdc.go.kr

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리본부에서 시행되는 조사사업을 통해 생성된 감시 및 연구 자료를 기반으로 근거중심의 건강 및 질병관련 정보를 제공하고자 최선을 다할 것이며, 제공되는 정보는 질병관리본부의 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 질병관리본부 홈페이지를 통해 주간 단위로 게시되고 있으며, 정기적 구독을 원하시는 분은 kdcnids@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: kdcnids@korea.kr/ 043-719-7175

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2016년 9월 13일

발 행 인 : 정기석

편 집 인 : 곽숙영

편집위원 : 최영실, 김기순, 최병선, 조신희, 조성범,
김봉조, 구수경, 김용우, 이동한, 임도상

편 집 : 질병관리본부 감염병관리센터 감염병감시과

충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운 (우)28159

Tel. (043) 719-7175 Fax. (043) 719-7189