

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol.11, No.45, 2018

CONTENTS

- 1518 2017년 국내 분리 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)의
내성 경향 분석
- 1523 *Wolbachia*를 이용한 감염병 매개체 방제 연구 동향
- 1529 통계단신(QuickStats)
당뇨병 유병률 추이, 2007-2016
- 1531 주요 감염병 통계
환자감시 : 전수감시, 표본감시
병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스
매개체감시 : 말라리아 매개모기, 일본뇌염 매개모기
프프가무시증 매개털진드기



질병관리본부

2017년 국내 분리 카바페넴내성장내세균속균종 (CRE)의 내성 경향 분석

질병관리본부 감염병분석센터 세균분석과 고은별, 주성제, 유재일, 전세미*

*교신저자 : sem21c@korea.kr, 043-719-8126

Abstract

Distribution of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) in Korea, 2017

Go Eunbyeul, Ju Seongje, Yoo Jaeil, Jeon Semi

Division of Bacterial Diseases, Center for Laboratory Control of Infectious Diseases, KCDC

The spread of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) has become a significant problem worldwide. In this study, we investigated the species, carbapenemase genotypes, and resistance rate of CRE in 2017. The susceptibility of CRE strains to carbapenem agents including imipenem, ertapenem, meropenem, and doripenem was tested. The carbapenemase gene was quantified by conventional PCR and analyzed by the sequence alignment method. The carbapenemase targets were IMP, OXA-48, VIM, NDM, KPC, and GES genes. According to the amino acid changes, specific genotypes were identified. Among 4,508 CRE strains, 2,953 were found to be carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae* (CPE) strains. Most of the CRE strains were *K. pneumoniae* (55.7%) and *E. coli* (15.1%). The carbapenemase genotypes were classified into 44 types; the proportions of the KPC-2 and NDM-1 types were found to be 43.8% and 10.3%, respectively. The incidence of infections caused by CRE and carbapenemase-producing strains is increasing. Furthermore, the CPE genotype is continuously being expanded and newer CPE genotypes are being identified; this poses a dangerous threat to public health in Korea.

Keywords: Carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*, Carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*, Beta-lactamase KPC-2, Beta-lactamase NDM-1

들어가는 말

장내세균속균종(*Enterobacteriaceae*)은 방광염, 신우신염, 패혈증, 폐렴, 복막염 및 수막염 등을 일으키는 병원체로 주로 병원이나 지역사회 감염의 원인이 되고 있다[1]. 특히, 전 세계적으로 항생제 내성을 가진 장내세균속균종의 전파가 문제시 되고 있다. 항생제 내성에 관여하는 유전자는 대부분 플라스미드에 존재하는데, 균주 간 전이로 인한 사람 간 전파가 용이하여 집단

발생의 가능성이 높다[2,3]. 국내에서 2010년 KPC-2 유형이 산발적으로 확인되었다[4]. 항생제 내성균 감시를 위해 2011년 이후부터 카바페넴내성장내세균속균종(carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*, CRE) 표본감시를 시행하였고, 2017년 6월부터는 제3군 법정감염병으로 분류하여 전수감시를 실시하고 있다. 2011년 44개 표본감시 참여기관에서 환자 신고수가 609건으로 확인되었으나, 전수감시 체계로 전환되면서 2017년에는 5,716건의 환자가 보고되었다[5].

Table 1. Distribution of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) by gender and age group

Age	Gender, No. (%)			
	Male	Female	Unknown	Total
0-9	40 (0.9)	26 (0.6)	–	66 (1.5)
10-19	3 (0.1)	5 (0.1)	–	8 (0.2)
20-29	58 (1.3)	19 (0.4)	–	77 (1.7)
30-39	42 (0.9)	25 (0.6)	–	67 (1.5)
40-49	103 (2.3)	73 (1.6)	–	176 (3.9)
50-59	278 (6.2)	147 (3.3)	–	425 (9.4)
60-69	544 (12.1)	267 (5.9)	–	811 (18.0)
70-79	758 (16.8)	564 (12.5)	1 (0.0)	1,323 (29.3)
80-89	627 (13.9)	570 (12.6)	1 (0.0)	1,198 (26.6)
≥ 90	122 (2.7)	230 (5.1)	–	352 (7.8)
Unknown	1 (0.0)	1 (0.0)	3 (0.1)	5 (0.1)
Total	2,576 (57.1)	1,927 (42.7)	5 (0.1)	4,508 (100.0)

카바페넴 계열 항생제는 doripenem, ertapenem, imipenem, meropenem을 사용하며, CLSI(Clinical and Laboratory Standard Institute) 가이드라인에 따른 기준으로 내성 유무를 판정한다. 카바페넴 내성에 관여하는 유전자는 Ambler class A에 속하는 *Klebsiella pneumoniae* carbapenemases(KPC), Guiana extended spectrum β -lactamase(GES), class B metallo- β -lactamases인 Verona integron-encoded metallo- β -lactamase(VIM), imipenemase(IMP), New Delhi metallo- β -lactamase(NDM)이 있으며, class D carbapenemase인 oxacillinase-48(OXA-48) 유형이 있다.

이 글에서는 2017년 국내에서 분리된 카바페넴내성장내 세균속균종에 대해 균종별, 내성 경향 및 내성 유전자형의 분포를 분석하여 현황을 파악하고자 하였다.

몸 말

2017년 1월~5월 표본감시 의료기관에서 분리된 균주와 6월~12월 전국 의료기관에서 분리된 균주로 질병관리본부에 의뢰된

카바페넴내성장내세균속균종 4,508주를 대상으로 분석하였다. 분리 대상자의 성별 분포는 남자가 2,576명(57.1%), 여자가 1,927명(42.7%), 미상 5명(0.1%)으로 남자의 비율이 14.4%p 높게 나타났다. 연령별 분포는 70~79세가 1,323명(29.3%)으로 분리율이 가장 높았으며, 10~19세가 8명(0.2%)으로 분리율이 가장 낮게 나타났다(Table 1).

균 동정은 자동화 장비인 VITEK 2(BioMerieux, France)와 16s rRNA의 염기서열을 분석하여 NCBI의 BLAST 데이터를 활용하여 결과를 확인하였다. 균종별 분포는 *Klebsiella pneumoniae*가 2,801주(62.1%)로 가장 많이 분리되었고, *Escherichia coli* 758주(16.8%), *Enterobacter cloacae* 216주(4.8%), *Enterobacter* spp. 196주(4.3%), *Enterobacter aerogenes* 124주(2.8%), *Citrobacter freundii* 112주(2.5%), *Providencia rettgeri* 66주(1.5%), *Klebsiella oxytoca* 52주(1.2%), *Serratia marcescens* 45주(1.0%), *Enterobacter asburiae* 30주(0.7%), *Klebsiella variicola* 20주(0.4%), *Citrobacter koseri* 18주(0.4%), *Morganella morganii* 17주(0.4%), *Proteus mirabilis* 10주(0.2%), 이 밖에 43주(1.0%)에서 19종이 분리되었다(Figure 1).

카바페넴 내성에 관여하는 카바페넴 분해효소 유전자인 KPC, GES, VIM, IMP, NDM, OXA-48을 확인하기 위해서 conventional PCR을 수행하였고, 유전자에 대한 염기서열을 NCBI에 등재되어

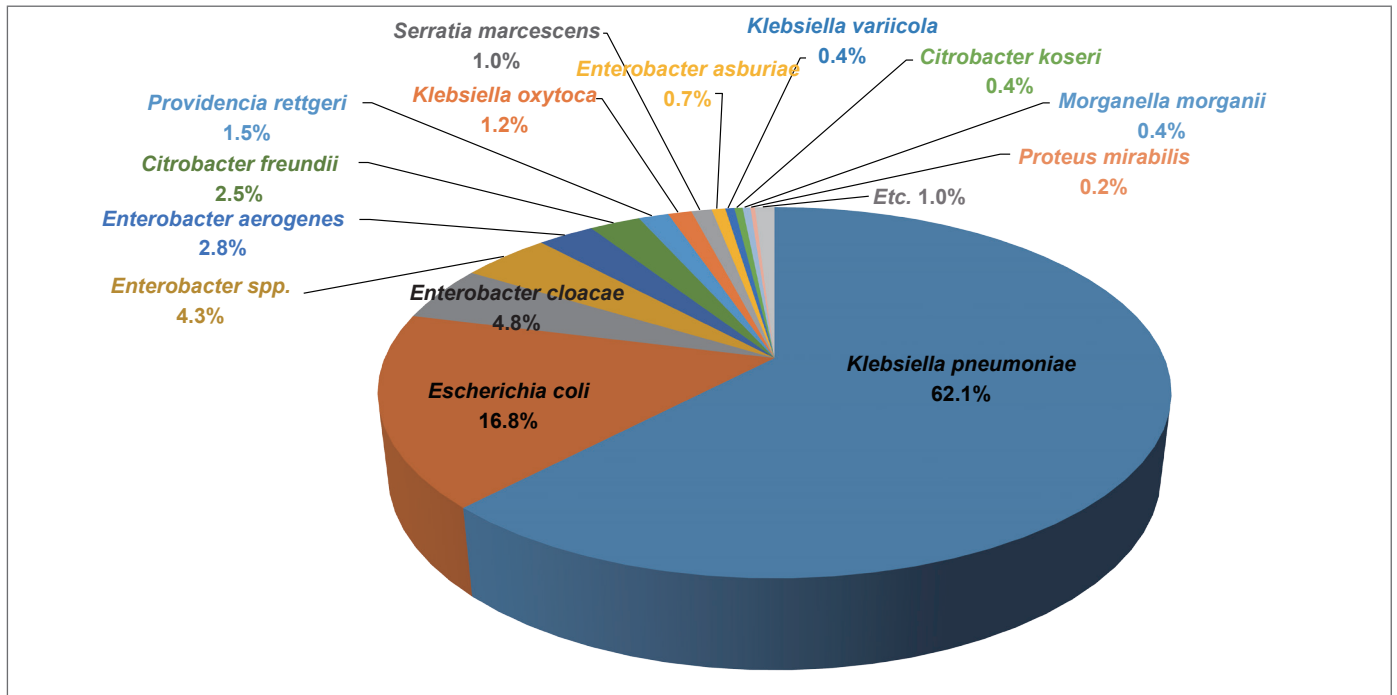


Figure 1. Distribution of species in carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) isolates

있는 유전자형과 비교하여 염기서열 변이부분을 확인하였다. 2,953주(65.5%), 음성 분리주가 1,555주(34.5%)로 나타났다. 카바페뎀내성장내세균속군종 중에서 내성 유전자 양성 분리주가 카바페뎀 내성 유전자의 분포는 KPC-2가 1,976주(43.8%)로 가장

Table 2. Distribution of carbapenemase genotypes by carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* isolates (n=4,508)

Genotypes	No. of isolates	Genotypes	No. of isolates	Genotypes	No. of isolates
KPC-2	1,976	NDM type	6	NDM-1, OXA-181	1
NDM-1	465	NDM-4	5	NDM-6, GES-5	1
NDM-5, OXA-181	153	KPC type	4	KPC-2, NDM-5, OXA-181	1
NDM-5	102	OXA-48	4	KPC-19	1
OXA-232	28	NDM-1, OXA-232	4	KPC-4, VIM-2	1
OXA-181	28	NDM-6	3	KPC-2, VIM-1	1
GES-5	28	OXA-505	3	KPC-2, GES-5	1
VIM-2	24	IMP-1	3	IMP-1, NDM-1	1
KPC-4, NDM-1	20	IMP-4	3	OXA-181	1
KPC-3	19	VIM-1	3	KPC-2, OXA-181	1
KPC-4	16	KPC-2, IMP-1	2	GES-type	1
NDM-7	10	KPC-2, NDM-2	1	KPC-2, VIM-4	1
KPC-2, NDM-1	9	KPC-6, NDM-1	1	KPC-2, IMP-10	1
NDM-1, GES-5	9	KPC-19, NDM-1	1	KPC-17	1
KPC-2, VIM-2	8	KPC-2, NDM type	1	NEG*	1,555

*NEG: carbapenemase gene negative

Table 3. Distributions of genotypes of carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae* isolates (n=2,567)

	KPC-2	NDM-1	NDM-5, OXA-181	NDM-5	GES-5	OXA-181	OXA-232
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1,636 (82.8)	172 (37.0)	4 (2.6)	11 (10.8)	10 (35.7)	1 (3.6)	26 (92.9)
<i>Escherichia coli</i>	187 (9.5)	48 (10.3)	149 (97.4)	82 (80.4)	–	26 (92.9)	2 (7.1)
<i>Enterobacter cloacae</i>	29 (1.5)	74 (15.9)	–	4 (3.9)	4 (14.3)	–	–
<i>Serratia marcescens</i>	26 (1.3)	–	–	–	1 (3.6)	–	–
<i>Citrobacter freundii</i>	18 (0.9)	57 (12.3)	–	–	–	–	–

Table 4. Rate of carbapenem minimum inhibitory concentration by carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* isolates (n=4,507)

Antimicrobial agent ($\mu\text{g}/\text{mL}$)	No. of isolates (%)								
	≤ 0.25	0.5	1	2	4	8	16	32	> 32
Doripenem		428 (9.5)	463 (10.3)	829 (18.4)	973 (21.6)	748 (16.6)	439 (9.7)	269 (6.0)	358 (7.9)
Ertapenem	20 (0.4)	8 (0.2)	40 (0.9)	350 (7.8)	734 (16.3)	915 (20.3)	1000 (22.2)	764 (17.0)	676 (15.0)
Imipenem		393 (8.8)	404 (9.1)	505 (11.3)	847 (19)	1075 (24.2)	677 (15.2)	256 (5.8)	293 (6.6)
Meropenem		309 (6.9)	303 (6.7)	599 (13.3)	996 (22.1)	971 (21.5)	613 (13.6)	304 (6.7)	412 (9.1)

많이 확인되었다. NDM-10 465주(10.3%), NDM-5 102주(2.3%), GES-5 28주(0.6%), OXA-181 28주(0.6%), OXA-232 28주(0.6%), VIM-2 24주(0.5%), KPC-3 19주(0.4%), KPC-4 16주(0.4%), NDM-7 10주(0.2%)로 확인되었다. 또한, 두 개 이상의 유형을 보유한 균주가 219주(4.9%)로 NDM-5와 OXA-181을 보유한 균주가 153주(3.4%) 확인되었다. KPC-4와 NDM-1을 보유한 20주(0.4%), KPC-2와 NDM-1 9주(0.2%), NDM-1과 GES-5 9주(0.2%), KPC-2와 VIM-2 8주(0.2%), NDM-1과 OXA-232 4주(0.1%)로 분포되었다. 이 중 1주에서 KPC-2와 NDM-5, OXA-181을 보유한 균주도 확인되었다(Table 2). 분포율이 높은 7개의 유전자형에 따라 분석한 결과는 *K. pneumoniae*에서 KPC-2가 1,636주 확인되었고, *E. coli*에서 NDM-5, OXA-181이 149주로 확인되었다(Table 3).

카바페뎴 항생제 감수성 검사는 액체배지를 이용한 최소억제농도(Minimum Inhibitory Concentration, MIC)로 측정하였고,

CLSI(Clinical Laboratory Standard Institute) 기준에 따라 내성 여부를 판독하였다. 각 항생제에 따른 기준은 doripenem, meropenem, imipenem이 4 $\mu\text{g}/\text{mL}$, ertapenem 2 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 이상인 경우 내성으로 판단하였다. 4,508주 중 판독과정에서 1주를 제외한 doripenem, ertapenem, meropenem의 내성률은 각각 61.8%, 98.5%, 73.1%를 나타냈고, imipenem은 자연적으로 내성을 갖고 있는 *Proteus* spp, *Providencia* spp, *Morganella morganii*를 제외한 4,450주에 대해 70.7%의 내성률을 나타냈다(Table 4).

맺는 말

2017년 국내 의료기관에서 분리된 카바페뎴내성장내 세균속균종을 대상으로 항생제 내성 경향과 내성 유전자의 분포를

파악하고자 하였다. 카바페넴 항생제 계열 중에서 doripenem과 meropenem은 MIC 4 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 값에서 내성률이 가장 높게 나타났고, ertapenem과 imipenem에서는 각각 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$, 8 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 값에서 내성률이 높았다. MIC 32 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 이상의 고도 내성은 6.6~15.0%로 ertapenem 내성 비율이 가장 높게 나타났다. 국내 카바페넴 내성 유전자는 60% 이상 확인되었으며 이 중 KPC 유전자가 69.9%로 국내에서 가장 높게 확인되었고 NDM 26.9%, OXA 7.6%, GES 1.4%, VIM 1.3%, IMP 0.3% 순으로 나타났다. 미국 CDC에서 분석한 자료에 의하면 2017년 CPE 신고건 중에 NDM 생산 카바페넴내성장내세균속균종이 374건, OXA-48 146건, VIM 57건, IMP 36건으로 보고되었다[6]. 또한, 터키에서는 *K. pneumoniae*의 OXA-48이 대부분을 차지하고, 이탈리아, 그리스, 미국, 스페인 등의 국가에서 KPC 유형이 대부분 확인되고 있다[7]. KPC 유형이 대부분을 차지하고 있지만 2개 이상의 유전자를 보유한 균주도 대다수 확인되고 있어 이로 인한 전파가 우려되고 있다. 전 세계적으로 항생제 내성균이 유행하는 상황에 대비하여 국내에서도 적극적인 감시와 환자 발생 시 격리를 강화하는 국가적인 대응방안이 필요하다고 생각된다.

참고문헌

1. Nordmann P, Naas T, Poirel L. Global spread of Carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*. *Emerg Infect Dis*. 2011;17(10):1791-8.
2. HJ Lee, DG Lee. Carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*: recent updates and treatment strategies. *J Korean Med Assoc*. 2018;61(4):281-289.
3. Queenan AM, Bush K. Carbapenemases: the versatile beta-lactamases. *Clin Microbiol Rev*. 2007;20(3):440-58.
4. 질병관리본부. 2012년 국내 카바페넴분해효소 생산 장내세균 발생과 특징. *주간 건강과 질병*. 2013;6(22):1-4.
5. 질병관리본부. 의료관련감염병 VRSA/CRE 관리지침.
6. CDC. <https://www.cdc.gov/hai/organisms/cre/trackingcre.html>
7. Rodriguez-Bano J, Gutierrez-Gutierrez B, Machuca I, Pascual A. Treatment of Infections Caused by Extended-Spectrum-Beta-Lactamase-, AmpC-, and Carbapenemase-Producing *Enterobacteriaceae*. *Clin Microbiol Rev*. 2018;31(2):1-42.

*Wolbachia*를 이용한 감염병 매개체 방제 연구 동향

질병관리본부 감염병분석센터 매개체분석과 하영란, 장규식, 조신희*

*교신저자 : cho4u@korea.kr, 043-719-8521

Abstract

Current trends of *Wolbachia* for vector control

Ha Young-Ran, Chang Kyu-Sik, Cho Shin-Hyeong

Division of Vectors and Parasitic Diseases, Center for Laboratory Control of Infectious Diseases, KCDC

Insect-borne diseases such as dengue, Zika, yellow fever, and chikungunya pose threats to global health. These are particularly transmitted by mosquitoes in tropical and subtropical regions. Despite efforts to control them, existing methods for controlling these diseases, such as the application of insecticides or physical removal of breeding sites, have several limitations. Therefore, novel vector control approaches are needed. The transinfection of mosquitoes with the bacterial endosymbiont *Wolbachia* has emerged as a novel strategy to limit mosquito populations and their subsequent ability to transmit pathogens. Various *Wolbachia* strains affect the populations, and reproduction of mosquitoes, and the replication ability of pathogens. *Wolbachia*-infected mosquitoes have been released in several countries where outbreaks of vector-borne diseases occur. *Wolbachia* transinfection is a prospective solution for vector control and vector-borne diseases.

Keywords: *Wolbachia*, Insecta, Insect control, Mosquito vectors

들어가는 말

지구온난화에 따른 매개체 발생분포 확대 및 해외유입 매개체의 국내 유입가능성이 높아짐에 따라 쯔쯔가무시증, 말라리아, 일본뇌염 등 토착성질환의 발생 증가 및 뎅기열, 웨스트나일열, 지카바이러스감염증과 같은 해외 매개모기감염질환의 유입이 예상되고 있다. 따라서 감염병 매개모기의 밀도, 분포조사 등 감시와 더불어 감염병 차단을 위한 효과적인 방제대책을 수립하는 것이 국민보건 향상에 매우 중요하다. 국내 감염병 매개모기 방제의 경우 살충제에 의한 의존도가 매우 높은 실정이며, 반복적인

오남용으로 매개모기의 저항성이 증가하여 모기 방제에 부작용으로 나타나고 있다[1]. 따라서 살충제 등 화학적 방제의 부작용을 줄이기 위하여 새롭고 효과적인 모기방제 방법을 개발할 필요성이 대두되고 있다.

영국, 미국, 호주 등 선진국에서는 공생 미생물을 이용한 방제 연구를 수행하고 있다. 2017년 미국환경보호청(Environmental Protection Agency, EPA)에서는 *Wolbachia*를 흰줄숲모기의 방제수단으로 야외 방사를 허가하기도 하였다. *Wolbachia*는 곤충 내부공생 박테리아로 모기 방제 및 모기 매개 감염병 억제에 위한 혁신적 매개모기 방제법으로 부상하고 있으며, 친환경적이고

저비용인 장점을 가지는 것으로 알려져 있다. 60% 이상의 곤충이 *Wolbachia*에 감염되어 있으며 세포질 불일치(cytoplasmic incompatibility, CI)를 통하여 곤충의 생식에 영향을 미쳐 개체수를 조절하는 기능을 가지고 있다[2]. 또한 *Wolbachia*는 모기를 포함한 곤충 내에서 바이러스 및 기생충의 발달을 억제하는 것으로 보고되어 왔다. 이러한 특성을 이용하여 호주 Monash대학 연구팀은 퀸즈랜드의 66 km²에 달하는 열대 도시인 타운즈빌에서 뎅기바이러스 전파 억제를 막는 생물학적 방제 성공에 대한 연구를 발표하였다. *Wolbachia*는 뎅기바이러스뿐만 아니라 지카, 치쿤구니아, 황열바이러스 등을 차단하는데도 효과가 있다고 알려져 있어 향후 곤충 방제 및 매개 감염병을 억제하기 위한 도구로서의 활용이 매우 기대된다. 이 글에서는 *Wolbachia*를 이용한 감염병 매개체 방제 및 감염병 억제에 미치는 영향에 관한 연구 동향을 정리하여 방제 도구로서의 활용에 기초자료를 제공하고자 한다.

몸 말

*Wolbachia*와 감염병 방제 연구 소개

*Wolbachia*는 1924년 집모기류(*Culex* mosquitoes)의 난소에서 발견된 알파-프로테오박테리아(α -proteobacterium)인 공생미생물이다[3]. *Wolbachia*의 크기는 0.5–1 μm 이며 암컷에서 자손으로 직접전파(maternal transmission)되기 위하여 *Wolbachia*에 감염된 숙주 암컷의 생식을 조절하는 것으로 알려져 있다. 또한 일부 *Wolbachia* 종류(strain)는 숙주의 수명을 감소시키는 방향으로 영향을 미치기도 하는데, *Wolbachia* 종류 중에 하나인 wMelPop은 초파리류(*Drosophila* spp.) 성충의 수명을 50%까지 감소시킨다. 모기가 *Wolbachia*에 감염되었을 때 모기의 수명이 단축되면 모기 체내에서 병원균 성장에 필요한 시간을 충분히 갖지 못하여 전파되지 못하게 할 수도 있다. 병원체가 모기로부터 사람을 포함한 숙주로 전파되기 위해서는 침샘관으로 도달하기 전 외잠복기(extrinsic incubation period)인 모기 체내 증식과정을 필요로 하는데, 뎅기열의 경우 모기 체내에서 잠복기는 대개

10일에서 14일 정도 소요되며, *Wolbachia*에 의한 모기의 수명이 줄어든다면 모기에 의한 감염병의 전파 가능성이 감소될 수 있을 것으로 보인다.

Wolbachia 종류(strain)와 감염 후 표현형(phenotype)

*Wolbachia*는 집모기(*Culex* spp.)나 숲모기(*Aedes* spp.)에 감염이 보고되어왔으며, 말라리아 전파 모기인 얼룩날개모기류(*Anopheles* spp.)에서는 감염이 보고된 바가 거의 없다. *Wolbachia*를 이용한 모기매개 감염병 전파를 억제하기 위해서는 *Wolbachia* 감염 세포질 또는 감염 곤충으로부터 분리한 *Wolbachia*를 *Wolbachia* 비감염 모기에 배아 미세주입(embryonic microinjection)하여 형질감염(transinfection)을 유도하는데 *Wolbachia*를 배아 내의 생식 세포(germline)로 감염되도록 하여 다음 세대에도 전파되도록 한다. 자연적 *Wolbachia* 감염은 면역반응에 영향을 미치지 않지만, 인공적인 감염은 *Wolbachia*가 숙주의 면역 및 증식에 영향을 미칠 수 있으며, 개체에 따른 *Wolbachia*에 형질감염의 반응 차이가 나타날 수 있다. *Wolbachia*는 숙주의 생식에 영향을 미치며 일부 곤충에서는 감염이나 감염 후 유지가 되지 않는다. Table 1에서는 *Wolbachia* 종의 종류 및 형질감염이 새로운 숙주에서 보이는 표현형을 정리하였다. 예를 들면, wMelPop-CLA 종의 경우 이집트숲모기(*Aedes aegypti*)내의 머리, 가슴, 복부에 걸쳐 감염되며 세포질 불일치 및 뎅기, 치쿤구니아 바이러스의 감염을 억제하는 효과를 가진다. wAlbA와 wAlbB 종의 경우 대부분의 흰줄숲모기(*Aedes albopictus*)내에 자연적으로 감염되어 있으며, 국내 흰줄숲모기 또한 90% 이상이 감염되어 있다. wAlbA와 wAlbB는 흰줄숲모기에서는 뎅기 및 치쿤구니아 바이러스 발달 억제 효과를 보이지 않았지만, 이집트숲모기에서는 부분적 세포질 불일치를 유발하기도 한다. wPip 종의 경우 흰줄숲모기에서 세포질 불일치를 유발하며 번식력에도 영향을 미치며 열대집모기(*Culex quinquefasciatus*)에서 웨스트나일 바이러스의 억제 효과를 보인다.

Wolbachia 감염은 다양한 범위의 절지동물에서 생식에 나타나는 기능적 형질 특성인 생식 표현형(reproductive

Table 1. *Wolbachia* strains transinfected into mosquitoes and induced phenotypes

Strain	Original host	Transinfected host	Phenotype in new host	References
wMel	<i>Drosophila melanogaster</i> , then <i>Aedes albopictus</i> cell line	<i>Aedes aegypti</i>	CI, DENV, CHIKC, WNV, YFV interference	3
		<i>Aedes albopictus</i>	DENV, CHIKV interference	5, 6
wMelPop-CLA	<i>Drosophila melanogaster</i> , then <i>Aedes albopictus</i> cell line	<i>Aedes aegypti</i>	CI, life shortening, Blood-feeding alteration, Bendy proboscis, Plasmodium, DENV, CHIKV interference, Inhibition of filarial nematodes	7, 8, 9, 10, 11
wMelPop	<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>Aedes albopictus</i>	CI, life shortening, embryo mortality	12
		<i>Aedes aegypti</i>	DENV, CHIKV, WNV, YFV interference	9, 13, 14
wPip	<i>Culex pipiens</i>	<i>Aedes albopictus</i>	CI, lower hatch rate, reduced fecundity	15
		<i>Culex quinquefasciatus</i>	WNV interference	16
wRi	<i>Drosophila simulans</i>	<i>Aedes albopictus</i>	CI	17
wAlbB	<i>Aedes albopictus</i>	<i>Aedes aegypti</i>	CI, DENV interference	18, 19
		<i>Culex tarsalis</i>	WNV interference (enhanced infection rate)	20
		<i>Aedes polynesiensis</i>	DENV interference	21
wAlbA,wAlbB	<i>Aedes albopictus</i>	<i>Aedes aegypti</i>	Partial CI	22
		<i>Aedes albopictus</i>	No effect on DENV, CHIKV	23, 24

phenotype)을 유발한다(Figure 1). 첫 번째는 세포질 불일치이다. 세포질 불일치는 *Wolbachia*에 감염된 거미류(Arachnids), 등각류(Isopods), 곤충류(Insect)에서 발견되며, *Wolbachia*에 감염된 수컷의 정자는 암컷의 난자가 같은 *Wolbachia* type이 아닐 경우 배아 발생을 방해하게 된다. 세포질 불일치는 많은 연구에도 불구하고 분자적 메커니즘은 밝혀진 바가 없다. 그러나 세포질 불일치의 유사한 세포학적 징후(cytological manifestations)는 다양한 숙주 분류군에서 나타나며, 이들의 공통된 특성으로는 숙주의 세포 주기(cell cycle)를 방해하며 초기 배아의 유사분열(mitosis)의 결함을 유도하여 생식을 방해한다. 두 번째로, *Wolbachia*는 단위생식(parthenogenesis)을 유발한다. *Wolbachia*에 의한 암컷의 단위생식은 진드기(Mites), 벌목류(Hymenopterans), 총채벌레류(Thrips) 등에서 나타나며 미수정란(unfertilized eggs)에서 수컷의 발생 없이 *Wolbachia* 감염 암컷만 생산되는 특성을 보이는 표현형이다. 단위생식은 오직 반배수성 곤충에서만 나타나며 *Wolbachia*에 의한 단위생식도

세포질 불일치와 유사하게 초기 배아의 발달 동안 세포 주기를 방해하며 미수정란에서 이배체(diploid) 발달을 유발하여 생식을 방해한다. 세 번째로, *Wolbachia*는 여성화(feminization)를 유발한다. 쥐며느리아목(Oniscidea)에서부터 등각류(Isopods) 등에서 나타나며 *Wolbachia*는 웅성화선(androgenic gland; 수컷 생식기관에 부착된 내분비선)내에서 증식하며 웅성화선의 비대 유발 및 기능을 억제하여 유전적 수컷이 암컷으로 발달된다. 여성화의 메커니즘은 정확히 밝혀지지 않았지만, *Wolbachia*가 남방노랑나비(*Eurema hecabe*)에서는 성 결정(sex-determination) 경로를 교란시켜 완전히 암컷으로의 발달을 유도하는 것으로 보인다. 마지막으로 *Wolbachia*는 웅성사망(male-killing; 수컷사망)을 유발하는데, 딱정벌레목(Coleoptera), 파리목(Diptera), 나비목(Lepidoptera), 의갈류(Pseudoscorpiones)에서 나타나며 배아발생(embryogenesis) 동안 수컷을 죽여 암컷의 생존을 위한 더 많은 먹이를 공급할 수 있도록 한다. 웅성사망의 메커니즘은 콩줄기명나방(*Ostrinia scapularis*)을 통해서 *Wolbachia*에 의한 여성화의 결과로 처음

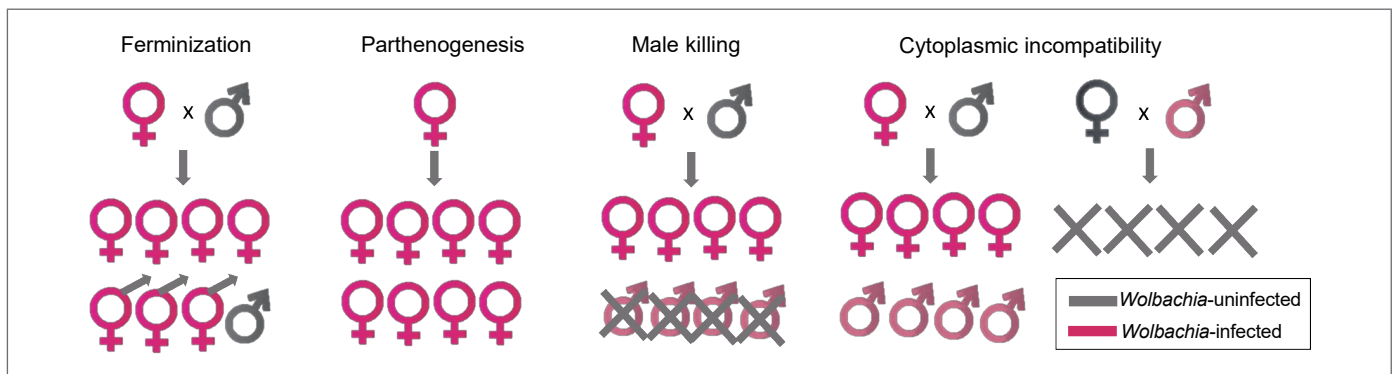


Figure 1. *Wolbachia*-induced phenotypes

Wolbachia cause four reproductive phenotypes in variable arthropods orders. Feminization results in males that develop as females. Parthenogenesis eliminates males from reproduction. Male killing eliminates *Wolbachia*-infected males to provide an advantage to infected females. Cytoplasmic incompatibility manipulate host reproduction that prevents infected males from mating with uninfected females [25]

알려졌다. 그러나 추후 연구를 통해 웅성사망의 효과임을 확인하였다. 처음에는 *Wolbachia*를 제거하기 위해 암컷에 테트라사이클린(tetracycline; 항생제의 일종)을 처리하였을 때 수컷만 태어났다. *Wolbachia*에 감염되지 않았을 때 암컷으로 태어난 모기는 유충 발달 단계 동안 죽었으나 *Wolbachia*에 감염된 경우 유전적 수컷은 암컷화되고 유충 발달 단계 동안 죽게 됨을 확인하였다. 따라서 *Wolbachia*에 의한 웅성사망은 치명적 여성화를 통하여 발생하는 것처럼 보이기도 한다. *Wolbachia*에 의한 모기의 단위생식 및 여성화는 밝혀진 바가 거의 없으며 세포질 불일치에 의한 특성 연구가 가장 많은 양상을 보인다.

*Wolbachia*의 바이러스 및 기생충 억제 효과(기작 연구)

*Wolbachia*에 형질감염은 다양한 범위의 병원체를 저해하는 것으로 알려져 있다. 자연적으로 *Wolbachia*에 감염된 모기가 바이러스에 저항성을 보이기도 하는데 열대집모기의 경우 웨스트나일 바이러스에 저항성을 가지고 있는 것으로 알려져 있다. 형질 전환된 *Wolbachia*의 병원체 저해기작으로 제기되는 하나의 가설은 *Wolbachia*가 항균펩티드(antimicrobial peptides)를 증가시키고 곤충의 내제 면역반응을 사전에 활성화 한다는 것이다. wMelPop-CLA 종의 경우 이집트숲모기의 세크로핀(cecropin; 나방의 항미생물 단백질), 디펜신(defensin; 항세균성 단백질), 티오에스테르(thioester containing proteins), C형 렉틴(C-type

lectins) 등 여러 면역 효과 물질의 발현을 유발하는 것으로 알려져 있다. 또한 *Wolbachia*의 감염은 이집트숲모기와 초파리의 내제면역시스템의 핵심 구성 요소를 유발하는 등 면역 반응에 영향을 미친다. 그럼에도 *Wolbachia*에 의한 Dengue 바이러스 감염 저해 작용은 세포 모델에서도 확인 가능한 것으로 보아 숙주인 곤충의 면역 시스템 유발이 유일한 요소는 아닌 것으로 보인다.

*Wolbachia*에 의한 바이러스 저해 작용은 *Wolbachia*의 밀도와도 관련이 있는 것으로 보고된다. 초파리의 경우 wMel과 wRi 종에 높은 밀도로 감염되어 있을 경우 바이러스 저해작용 또한 커지나, 낮은 밀도의 wNo와 wHa 종에 감염될 경우 저해작용을 보이지 않는다. 또한, 이집트숲모기에서 높은 밀도의 wMelPop-CLA 종에 감염될 경우 거의 완벽하게 병원체의 저해 작용을 하는 것으로 알려져 있다. *Wolbachia*의 조직 내 밀도나 부위는 종에 상관없이 공통적인 특성을 보이며 숙주뿐만 아니라 병원체 저해 작용에도 영향을 미친다고 알려져 있다.

*Wolbachia*를 이용한 야외실험 연구 동향

현재 호주 Monash대학의 오닐 박사에 의해 World Mosquito Program(WMP)이 진행되고 있으며, 이는 *Wolbachia*에 감염된 이집트숲모기를 여러 국가에 적용 중이다. 2011년 호주 퀸즈랜드 북쪽 지역에 wMel 종류의 *Wolbachia*에 감염된 모기를 방사하였고, 지역 모기 개체군 내에서 wMel 종의 90%가 넘는

감염 확산을 확인하였다. 호주에서의 방사실험은 작은 도시에서 적은 비용으로 성공할 수가 있었으며, 일단 지역 모기 개체군에서 *Wolbachia* 감염 모기 종의 서식이 확립되면서 뎅기 전파는 더 이상 관찰되지 않았다. 2015년 미국 미시건 주립대학의 Zhiyong Xi 박사 연구팀은 자연적 개체군을 조절하기 위해 *Wolbachia*에 감염된 5백만 마리의 흰줄숲모기를 광저우 지역 내 작은섬에 방사하였다. *Wolbachia* 감염 수컷모기를 방사시켜 모기 개체수를 줄인 후 *Wolbachia* 감염 암컷으로 감염병의 전파를 억제하고자 하였으며 야외 방사 실험으로 모기 개체수의 90%가 감소되었다. 2017년 미국 플로리다 키스제도의 모기퇴치지구(Florida Keys Mosquito Control District)에서는 2만 마리의 *Wolbachia* 감염 이집트숲모기를 방사하여 감염병을 억제하고자 하였다. 큰 규모의 방사 실험은 브라질[레테로이(Niteroi)와 리우 데 자네이루 지역(Rio de Janeiro)], 콜롬비아[벨로(Bello), 메델린 지역(Medellin)]와 인도네시아[족자카르타 지역(Yogyakarta)]에서 진행 중이다. 족자카르타 지역에 무작위로 선정하여 *Wolbachia* 감염 이집트숲모기를 방성한 후 방사지역과 비방사지역의 뎅기 감염 감소율을 비교할 예정이며, 이 방사 실험은 2019년에 완료될 것으로 예상된다. 이러한 방사 시도는 *Wolbachia* 감염 모기를 통한 감염병의 감소 정도를 확인할 수 있는 중요한 역학조사 자료가 될 것이다.

맺음 말

세계보건기구(World Health Organization, WHO)에 의하면 매개체에 의한 감염병은 전 세계적 감염질환의 17%를 차지한다[4]. 다양한 국가와의 교류로 인해 뎅기열, 지카바이러스 감염증 등 모기매개 감염병 해외 환자가 국내로 계속적으로 유입되고 있으며 이를 매개하는 모기도 국내에 서식하는 것으로 보고되어왔다. 감염병 매개체의 방제는 매우 중요하나 살충제 의존적인 현재 방제법은 저항성 등 한계를 보이고 있다. 국내·외적으로 다양한 매개체 방제 및 감염병 억제를 위한 노력은 개발되고 있으나, 그 개발된 다양한 기술의 적용에 대한 검증단계를 필요로 하고 있다.

국내에서도 *Wolbachia*를 이용하여 흰줄숲모기를 포함한 다양한 질병매개곤충에 대한 *Wolbachia*의 감염 여부, 방제 적용 특성 연구 및 감염병 억제 효능 연구를 진행 중이다. 현재 질병관리본부에서는 미환경보호청(EPA)에서 살충제로 등록되어있는 wPip 군주에 대한 국내 적용 검증 실험을 수행하고 있으며 *Wolbachia* 종을 대량 확보하여 검증단계를 거쳐 모기방제에 적용하고자 한다. 따라서 국내에서도 곤충 방제를 위해 *Wolbachia*를 이용한 곤충 방제의 가이드라인 마련에 대한 기본적인 데이터베이스화가 필요할 것으로 전망된다.

참고문헌

1. WHO. Test Procedures for Insecticide Resistance Monitoring in Malaria Vectors, Bio-Efficacy and Persistence of Insecticides on Treated Surfaces, Report of the WHO Informal Consultation on WHO/HQ (document WHO/CDS/CPC /MAL /98.12), 28-30 September. Geneva, Switzerland: World Health Organization. 1998.
2. Karyn N. Johnson, The Impact of *Wolbachia* on Virus Infection in Mosquitoes. *Viruses*. 2015;7:5705-5717.
3. Iturbe-Ormaetxe I et al. *Wolbachia* and the biological control of mosquito-borne disease. *EMBO Rep*. 2011;12:508-518.
4. WHO. <http://www.who.int/campaigns/world-health-day/2014/vector-borne-diseases/en>
5. Blagrove MS et al. *Wolbachia* strain wMel induces cytoplasmic incompatibility and blocks dengue transmission in *Aedes albopictus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2012;109:255-260.
6. Blagrove MS et al. A *Wolbachia* wMel transinfection in *Aedes albopictus* is not detrimental to host fitness and inhibits Chikungunya virus. *PLoS Negl. Trop. Dis*. 2013;7:e2152.
7. McMeniman CJ et al. Stable introduction of a life-shortening *Wolbachia* infection into the mosquito *Aedes aegypti*. *Science*. 2009;323:141-144.
8. Turley AP et al. *Wolbachia* infection reduces blood-feeding success in the dengue fever mosquito, *Aedes aegypti*. *PLoS Negl. Trop. Dis*. 2009;3:e516.
9. Moreira LA et al. A *Wolbachia* symbiont in *Aedes aegypti* limits infection with dengue, Chikungunya, and *Plasmodium*. *Cell*. 2009;139:1268-1278.
10. Moreira LA et al. Human probing behavior of *Aedes aegypti* when

- infected with a lifeshortening strain of *Wolbachia*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2009;3:e568.
11. Kambris Z *et al.* *Wolbachia* stimulates immune gene expression and inhibits *Plasmodium* development in *Anopheles gambiae*. *PLoS Pathog.* 2010;6:e1001143.
 12. Suh E *et al.* Pathogenicity of life-shortening *Wolbachia* in *Aedes albopictus* after transfer from *Drosophila melanogaster*. *Appl Environ Microbiol.* 2009;75:7783–7788.
 13. Hussain M *et al.* Effect of *Wolbachia* on replication of West Nile Virus in a mosquito cell line and adult mosquitoes. *J. Virol.* 2013;87:851–858.
 14. Van den Hurk AF *et al.* Impact of *Wolbachia* on infection with Chikungunya and Yellow Fever viruses in the mosquito vector *Aedes aegypti*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2012;6:e1892.
 15. Calvitti M *et al.* Characterization of a new *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)–*Wolbachia pipientis* (Rickettsiales: Rickettsiaceae) symbiotic association generated by artificial transfer of the wPip strain from *Culex pipiens* (Diptera: Culicidae). *J Med Entomol.* 2010;47:179–187.
 16. Glaser R.L and Meola M.A. The native *Wolbachia* endosymbionts of *Drosophila melanogaster* and *Culex quinquefasciatus* increase host resistance to West Nile virus infection. *PLoS ONE.* 2010;5:e11977.
 17. Xi ZY *et al.* Interspecific transfer of *Wolbachia* into the mosquito disease vector *Aedes albopictus*. *Proc Royal Soc Lond B Biol Sci.* 2006;273:1317–1322.
 18. Xi Z *et al.* *Wolbachia* establishment and invasion in an *Aedes aegypti* laboratory population. *Science.* 2005;14:326–328.
 19. Bian G *et al.* The endosymbiotic bacterium *Wolbachia* induces resistance to dengue virus in *Aedes aegypti*. *PLoS Pathog.* 2010;6:e1000833.
 20. Dodson BL *et al.* *Wolbachia* enhances West Nile virus (WNV) infection in the mosquito *Culex tarsalis*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014;8:e2965.
 21. Bian GW *et al.* Replacing a native *Wolbachia* with a novel strain results in an increase in endosymbiont load and resistance to Dengue virus in a mosquito vector. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2013;7:e2250.
 22. Ruang-Areerate T, Kittayapong P. *Wolbachia* transinfection in *Aedes aegypti*: a potential gene driver of dengue vectors. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2006;103:12534–12539.
 23. Mousson, L *et al.* *Wolbachia* modulates Chikungunya replication in *Aedes albopictus*. *Mol. Ecol.* 2010;19:1953–1964.
 24. Mousson, L *et al.* The native *Wolbachia* symbionts limit transmission of dengue virus in *Aedes albopictus*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2012;6:e1989.
 25. Werren JH *et al.* *Wolbachia*: master manipulators of invertebrate biology. *Nature Reviews.* 2008;6:741–751.

당뇨병 유병률 추이, 2007–2016

Trends in prevalence of diabetes among Korean adults aged 30 years and over, 2007–2016

[정의] 당뇨병 유병률 : 공복혈당이 126 mg/dL 이상이거나 의사진단을 받았거나 혈당강하제복용 또는 인슐린 주사를 투여 받고 있는 분을, 만30세 이상

만30세 이상 성인의 당뇨병 유병률(연령표준화)은 2007년 9.5%에서 2016년 11.3%로 1.8%p 증가하였음(남자는 11.8%에서 12.9%로 1.1%p 증가, 여자는 7.2%에서 9.6%로 2.4%p 증가). 2016년 기준 남자(12.9%)가 여자(9.6%)보다 1.3배 높았으며, 30세 이상 성인에서 10명 중 1명은 당뇨병 유병자로 나타났음(그림 A).

The age-standardized prevalence of diabetes among adults aged 30 years and over increased 1.8%p, from 9.5% in 2007 to 11.3% in 2016 (1.1%p in men, from 11.8% to 12.9% and 2.4%p in women, from 7.2% to 9.6%). In 2016, the percentage of men (12.9%) was 1.3 times higher than that of women (9.6%), indicating that one out of 10 adults aged 30 years and over had diabetes (Figure A).

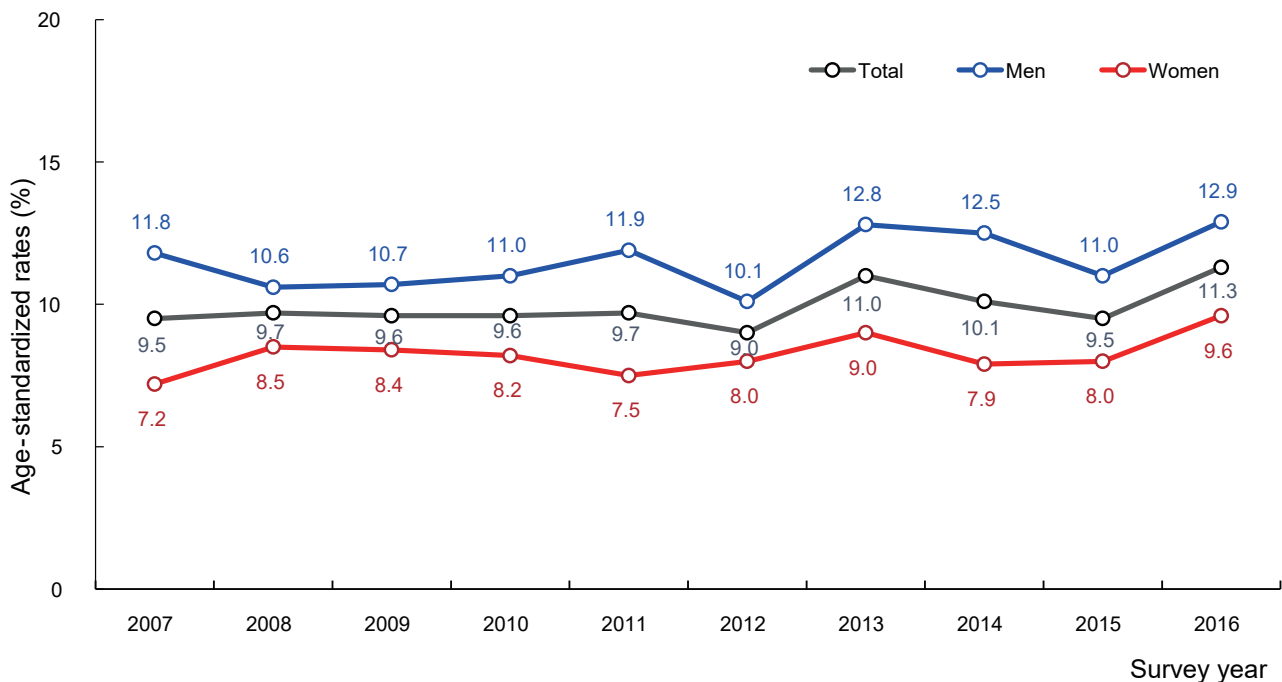


Figure A. Trends in the prevalence of diabetes, 2007–2016

* Prevalence of diabetes: Amongst adults aged 30 years and over, the percentage of people who satisfy at least one of the following conditions: fasting glucose more than 126 mg/dL, diabetes diagnosed by a doctor, or hypoglycemic medication or insulin treatment

† Age-standardized rates (%): calculated using the direct standardization method, based on a 2005 population projection

Source: Korea Health Statistics 2016, Korea National Health and Nutrition Examination Survey, <http://knhanes.cdc.go.kr/>

Reported by: Division of Chronic Disease Control, Korea Centers for Disease Control and Prevention

기침할 때 옷소매로 입과 코를 가리고!



[올바른 기침예절]

1

휴지나
손수건은 필수

2

옷 소매로
가리기

3

기침 후
비누로 손씻기

모두 올바른 손씻기 6단계로 구석구석 깨끗한 손씻기를 실천해요!

올바른 손씻기 6단계

1 손바닥 손바닥과 손바닥을 마주대고 문질러 주세요	2 손등 손등과 손바닥을 마주대고 문질러 주세요	3 손가락 사이 손바닥을 마주대고 손가락을 끼고 문질러 주세요
4 두 손 모아 손가락을 마주잡고 문질러 주세요	5 엄지 손가락 엄지손가락을 다른 편 손바닥으로 돌려주면서 문질러 주세요	6 손톱 밑 손가락을 반대편 손바닥에 놓고 문지르며 손톱 밑을 깨끗하게 하세요

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (44th Week)

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases†

Classification of disease‡		Current week	Cum. 2018	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
					2017	2016	2015	2014	2013	
Category I	Cholera	0	2	0	5	4	0	0	3	
	Typhoid fever	7	236	2	128	121	121	251	156	
	Paratyphoid fever	6	57	1	73	56	44	37	54	
	Shigellosis	4	210	3	111	113	88	110	294	
	EHEC	2	131	1	138	104	71	111	61	
	Viral hepatitis A	26	2,096	42	4,419	4,679	1,804	1,307	867	
Category II	Pertussis	30	835	5	318	129	205	88	36	
	Tetanus	0	28	1	34	24	22	23	22	
	Measles	4	38	1	7	18	7	442	107	
	Mumps	344	16,760	450	16,924	17,057	23,448	25,286	17,024	
	Rubella	3	25	0	7	11	11	11	18	
	Viral hepatitis B (Acute)	8	350	5	391	359	155	173	117	
	Japanese encephalitis	0	17	2	9	28	40	26	14	
	Varicella	1,880	72,455	1,089	80,092	54,060	46,330	44,450	37,361	
	<i>Haemophilus influenza</i> type b	0	2	0	3	0	0	0	0	
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	10	550	6	523	441	228	36	—	
Category III	Malaria	2	574	5	515	673	699	638	445	
	Scarlet fever§	216	14,309	195	22,838	11,911	7,002	5,809	3,678	
	Meningococcal meningitis	0	13	0	17	6	6	5	6	
	Legionellosis	6	251	2	198	128	45	30	21	
	<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis	4	50	1	46	56	37	61	56	
	Murine typhus	4	15	1	18	18	15	9	19	
	Scrub typhus	1,134	4,082	1,362	10,528	11,105	9,513	8,130	10,365	
	Leptospirosis	15	136	5	103	117	104	58	50	
	Brucellosis	10	76	0	6	4	5	8	16	
	Rabies	0	0	0	0	0	0	0	0	
	HFRS	35	389	28	531	575	384	344	527	
	Syphilis	41	1,937	31	2,148	1,569	1,006	1,015	799	
	CJD/vCJD	3	72	2	36	42	33	65	34	
	Tuberculosis	528	22,845	609	28,161	30,892	32,181	34,869	36,089	
	HIV/AIDS	32	796	21	1,009	1,062	1,018	1,081	1,013	
	Viral hepatitis C	196	9,321	—	6,396	—	—	—	—	Russia(1)
	VRSA	0	0	—	0	—	—	—	—	
	CRE	195	9,992	—	5,716	—	—	—	—	
Category IV	Dengue fever	10	172	5	171	313	255	165	252	Vietnam(3), Mexico(2), Philippines(2), Malaysia(1), India(1), Thailand(1)
	Q fever	29	345	1	96	81	27	8	11	
	West Nile fever	0	0	0	0	0	0	0	0	
	Lyme Borreliosis	6	90	1	31	27	9	13	11	
	Melioidosis	0	1	0	2	4	4	2	2	
	Chikungunya fever	1	14	0	5	10	2	1	2	India(1)
	SFTS	1	257	4	272	165	79	55	36	
	MERS	0	1	—	0	0	185	—	—	
	Zika virus infection	1	11	—	11	16	—	—	—	Indonesia(1)

Abbreviation: EHEC= Enterohemorrhagic *Escherichia coli*, HFRS= Hemorrhagic fever with renal syndrome, CJD/vCJD= Creutzfeldt-Jacob Disease / variant Creutzfeldt-Jacob Disease, VRSA= Vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus*, CRE= Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, 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 2017, 2018 are provisional but the data from 2013 to 2016 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, 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) 719-7112

Table 2. Reported cases of infectious diseases by geography, week ending November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category											
	Cholera			Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§
Overall	0	2	1	7	236	134	6	57	48	4	210	91
Seoul	0	0	0	1	40	25	1	14	10	0	48	21
Busan	0	2	0	0	28	8	0	4	6	1	15	5
Daegu	0	0	0	0	5	5	0	4	2	1	22	2
Incheon	0	0	0	2	12	7	0	1	4	0	16	11
Gwangju	0	0	0	0	7	6	1	2	2	1	6	1
Daejeon	0	0	0	1	6	7	0	0	2	0	2	2
Ulsan	0	0	0	0	6	1	0	0	1	0	2	0
Sejong	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0
Gyeonggi	0	0	0	2	58	25	3	16	8	1	30	21
Gangwon	0	0	0	0	16	1	1	8	1	0	6	1
Chungbuk	0	0	0	0	8	3	0	1	2	0	3	2
Chungnam	0	0	0	0	7	7	0	0	1	0	19	3
Jeonbuk	0	0	0	1	5	3	0	2	2	0	2	3
Jeonnam	0	0	0	0	7	8	0	3	2	0	6	5
Gyeongbuk	0	0	0	0	10	5	0	2	1	0	21	3
Gyeongnam	0	0	1	0	16	21	0	0	3	0	9	10
Jeju	0	0	0	0	3	2	0	0	1	0	2	1

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category I						Diseases of Category II					
	Enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i>			Viral hepatitis A			Pertussis			Tetanus		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]
Overall	2	131	89	26	2,096	2,284	30	835	126	0	28	21
Seoul	0	25	11	1	421	445	3	73	25	0	2	2
Busan	0	6	4	0	53	105	2	104	8	0	3	2
Daegu	0	10	8	1	57	48	0	29	2	0	3	0
Incheon	0	12	7	1	150	199	1	46	9	0	2	1
Gwangju	0	12	15	0	29	71	3	37	6	0	0	0
Daejeon	1	4	1	2	114	99	0	15	2	0	0	0
Ulsan	0	7	6	3	22	23	3	30	2	0	0	0
Sejong	0	0	1	0	20	11	0	12	0	0	0	0
Gyeonggi	1	13	15	6	607	703	5	117	25	0	3	2
Gangwon	0	5	2	1	50	53	0	4	1	0	0	2
Chungbuk	0	3	2	2	77	70	0	24	1	0	0	1
Chungnam	0	5	2	5	187	135	1	19	6	0	1	1
Jeonbuk	0	2	1	1	139	108	1	13	2	0	3	1
Jeonnam	0	6	6	1	29	79	2	22	6	0	5	3
Gyeongbuk	0	10	2	0	63	52	1	43	10	0	5	3
Gyeongnam	0	6	3	1	68	69	8	243	18	0	1	3
Jeju	0	5	3	1	10	14	0	4	3	0	0	0

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Measles			Mumps			Rubella			Viral hepatitis B (Acute)		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]
Overall	4	38	122	344	16,760	16,115	3	25	20	8	350	193
Seoul	2	13	25	52	2,082	1,563	2	7	3	1	65	32
Busan	0	1	4	23	978	1,183	0	0	2	3	22	14
Daegu	0	1	2	13	704	507	0	2	1	1	16	6
Incheon	1	2	12	18	854	667	0	0	1	0	15	12
Gwangju	0	0	1	13	484	1,226	0	1	0	0	9	4
Daejeon	0	2	3	10	574	564	0	1	1	0	14	6
Ulsan	0	0	1	14	528	501	0	0	1	0	8	5
Sejong	0	0	0	2	112	41	0	0	0	0	1	0
Gyeonggi	1	9	35	79	4,743	3,517	1	7	6	1	90	47
Gangwon	0	1	2	11	551	587	0	1	0	0	11	6
Chungbuk	0	1	2	7	441	279	0	1	1	0	11	6
Chungnam	0	2	3	13	703	596	0	0	1	0	15	10
Jeonbuk	0	3	1	19	725	1,387	0	3	0	0	11	15
Jeonnam	0	1	9	16	651	783	0	1	0	1	16	9
Gyeongbuk	0	2	5	22	884	726	0	1	2	1	18	9
Gyeongnam	0	0	17	31	1,480	1,711	0	0	1	0	26	11
Jeju	0	0	0	1	266	277	0	0	0	0	2	1

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II						Diseases of Category III					
	Japanese encephalitis			Varicella			Malaria			Scarlet fever [‡]		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	17	20	1,880	72,455	37,215	2	574	582	216	14,309	8,117
Seoul	0	6	7	272	8,111	3,987	0	83	76	24	2,144	938
Busan	0	0	0	98	4,076	2,378	0	7	8	7	1,165	573
Daegu	0	1	2	71	3,661	2,107	0	12	7	1	401	360
Incheon	0	0	1	99	3,147	2,239	0	84	98	10	661	375
Gwangju	0	2	1	80	2,698	1,101	0	5	4	14	667	368
Daejeon	0	0	1	30	1,749	1,072	0	3	4	11	478	289
Ulsan	0	0	0	34	2,198	1,229	0	4	4	7	759	304
Sejong	0	0	0	15	1,139	189	0	1	1	2	90	34
Gyeonggi	0	3	4	591	20,551	10,397	2	323	318	67	3,914	2,421
Gangwon	0	0	0	28	1,935	1,464	0	12	20	9	250	120
Chungbuk	0	2	1	45	2,743	744	0	3	6	4	275	149
Chungnam	0	0	1	56	2,267	1,573	0	8	7	10	516	388
Jeonbuk	0	0	0	75	3,098	1,662	0	5	5	9	713	255
Jeonnam	0	1	1	109	2,643	1,668	0	6	4	10	563	299
Gyeongbuk	0	1	1	83	3,509	1,686	0	3	10	12	629	493
Gyeongnam	0	1	0	158	6,221	2,842	0	12	7	16	961	649
Jeju	0	0	0	36	2,709	877	0	3	3	3	123	102

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category III											
	Meningococcal meningitis			Legionellosis			Vibrio vulnificus sepsis			Murine typhus		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average‡	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average‡
Overall	0	13	6	6	251	69	4	50	51	4	15	11
Seoul	0	3	2	2	64	20	0	8	6	1	2	2
Busan	0	1	1	1	22	4	1	6	5	1	1	1
Daegu	0	1	0	0	10	2	0	1	1	0	0	0
Incheon	0	3	0	0	19	6	1	6	3	1	1	1
Gwangju	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
Daejeon	0	0	0	0	3	1	0	0	1	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	3	2	0	0	2	0	2	0
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	0	1	2	2	52	14	1	8	9	0	2	2
Gangwon	0	0	0	0	12	5	0	0	0	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	12	3	0	1	1	0	0	1
Chungnam	0	1	0	1	9	2	0	6	3	0	0	1
Jeonbuk	0	0	0	0	2	1	0	1	3	1	1	0
Jeonnam	0	0	0	0	5	1	0	4	7	0	1	1
Gyeongbuk	0	0	1	0	24	3	0	1	3	0	0	0
Gyeongnam	0	3	0	0	10	3	1	8	5	0	5	1
Jeju	0	0	0	0	3	2	0	0	1	0	0	0

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis			Hemorrhagic fever with renal syndrome		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]
Overall	1,134	4,082	4,253	15	136	63	10	76	6	35	389	298
Seoul	36	131	144	0	9	3	0	10	1	1	17	12
Busan	62	149	207	2	4	3	0	3	0	0	13	7
Daegu	35	81	94	1	2	1	1	6	1	0	4	1
Incheon	15	56	42	1	3	0	2	13	0	2	8	4
Gwangju	25	115	187	1	4	1	0	0	0	1	6	5
Daejeon	46	125	179	2	7	1	0	3	0	0	8	4
Ulsan	56	134	220	0	1	2	0	0	1	0	2	2
Sejong	14	34	30	0	0	0	1	3	0	1	2	2
Gyeonggi	92	347	435	1	17	11	3	13	0	8	59	73
Gangwon	2	43	50	1	11	4	0	2	0	2	13	17
Chungbuk	39	116	143	0	9	2	0	5	0	1	19	16
Chungnam	176	602	501	3	27	7	1	9	0	9	75	36
Jeonbuk	108	447	507	2	5	5	1	2	0	6	53	30
Jeonnam	111	670	651	0	14	11	1	1	0	1	44	49
Gyeongbuk	110	328	241	1	15	5	0	2	1	1	41	23
Gyeongnam	193	670	604	0	8	7	0	4	1	2	24	16
Jeju	14	34	18	0	0	0	0	0	1	0	1	1

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category III									Diseases of Category IV		
	Syphilis			CJD/vCJD			Tuberculosis			Dengue fever		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average§
Overall	41	1,937	1,073	3	72	44	528	22,845	27,556	10	172	201
Seoul	7	404	216	1	19	10	86	4,074	5,307	2	54	67
Busan	7	163	60	0	5	3	35	1,524	2,016	0	12	12
Daegu	0	80	49	0	3	4	28	1,072	1,382	0	8	8
Incheon	3	165	99	0	4	2	21	1,192	1,430	3	12	10
Gwangju	1	75	32	1	3	1	10	573	672	0	1	2
Daejeon	4	58	30	0	1	1	16	519	649	0	0	7
Ulsan	0	18	17	0	2	0	11	511	577	0	3	2
Sejong	0	10	3	0	0	0	4	86	72	0	0	1
Gyeonggi	12	532	290	1	19	8	115	4,883	5,791	0	48	52
Gangwon	0	40	29	0	1	2	29	1,009	1,136	0	4	3
Chungbuk	1	61	23	0	0	1	18	749	816	3	5	2
Chungnam	1	67	38	0	2	3	23	1,102	1,222	0	4	5
Jeonbuk	1	45	23	0	3	1	20	869	1,023	0	5	5
Jeonnam	0	28	31	0	0	1	26	1,205	1,355	1	4	4
Gyeongbuk	3	86	44	0	5	4	44	1,605	1,976	0	3	8
Gyeongnam	1	66	62	0	4	3	37	1,550	1,815	1	8	11
Jeju	0	39	27	0	1	0	5	322	317	0	1	2

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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 November 3, 2018 (44th Week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category IV											
	Q fever			Lyme Borreliosis			SFTS			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 3-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 3-year average [§]
Overall	29	345	34	6	90	14	1	257	123	1	11	—
Seoul	6	65	2	0	39	5	0	14	8	0	3	—
Busan	4	17	1	1	6	1	0	4	1	0	1	—
Daegu	1	10	1	1	2	1	1	3	4	0	0	—
Incheon	2	20	0	1	8	1	0	1	3	1	2	—
Gwangju	0	13	1	0	0	0	0	0	1	0	0	—
Daejeon	1	15	1	0	6	0	0	4	3	0	0	—
Ulsan	2	7	1	0	0	0	0	7	1	0	0	—
Sejong	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	—
Gyeonggi	3	53	4	3	12	3	0	46	20	0	1	—
Gangwon	0	3	0	0	1	0	0	35	17	0	1	—
Chungbuk	0	27	11	0	0	0	0	12	7	0	0	—
Chungnam	6	31	4	0	4	1	0	22	9	0	0	—
Jeonbuk	1	12	1	0	2	1	0	13	3	0	2	—
Jeonnam	1	29	2	0	2	0	0	16	7	0	0	—
Gyeongbuk	0	14	2	0	2	1	0	38	21	0	0	—
Gyeongnam	1	25	3	0	4	0	0	28	9	0	1	—
Jeju	0	1	0	0	2	0	0	14	9	0	0	—

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

* The reported data for year 2018 are provisional but the data from 2013 to 2017 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.

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (44th week)

1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 5.7명으로 지난주(4.9명) 대비 증가
- ※ 2018-2019절기 유행기준은 6.3명(/1,000)

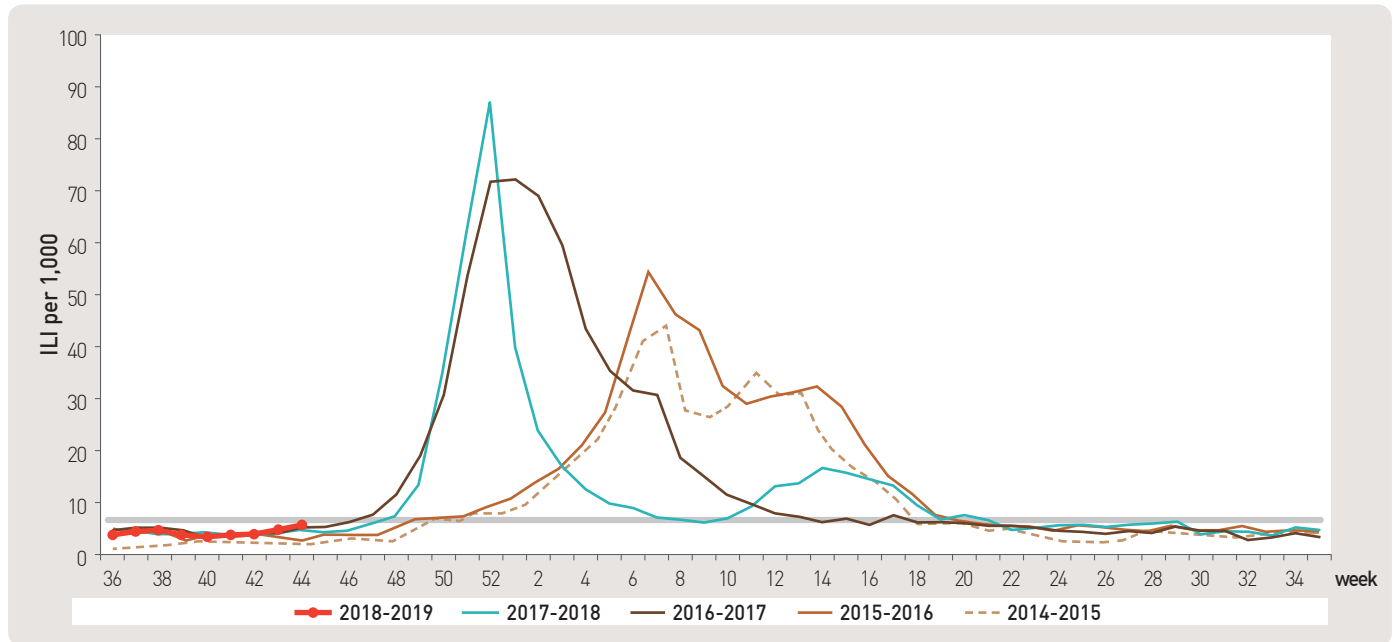


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2014-2015 to 2018-2019 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD), Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 수족구병 표본감시(전국 95개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 2.4명으로 전주(2.8명) 대비 감소
- ※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

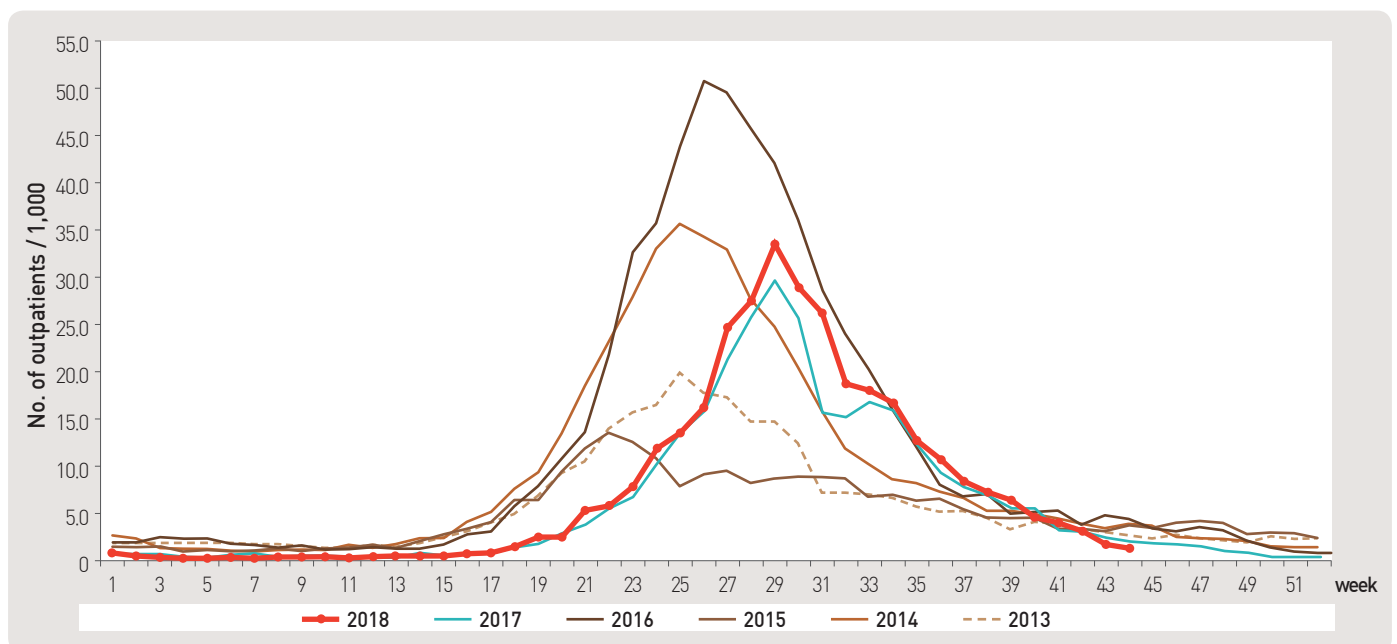


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2013-2018

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 유행성각결막염 표본감시(전국 92개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 24.0명으로 전주 27.6명 대비 감소
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.8명으로 전주 0.9명 대비 감소

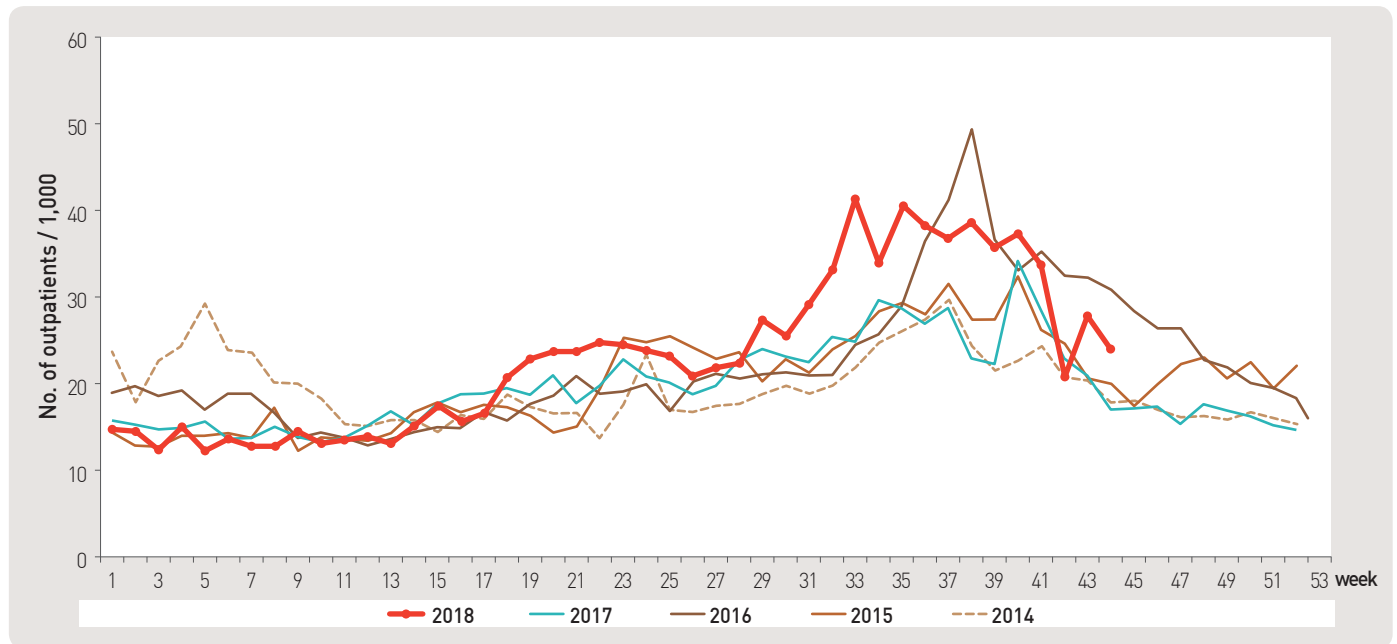


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

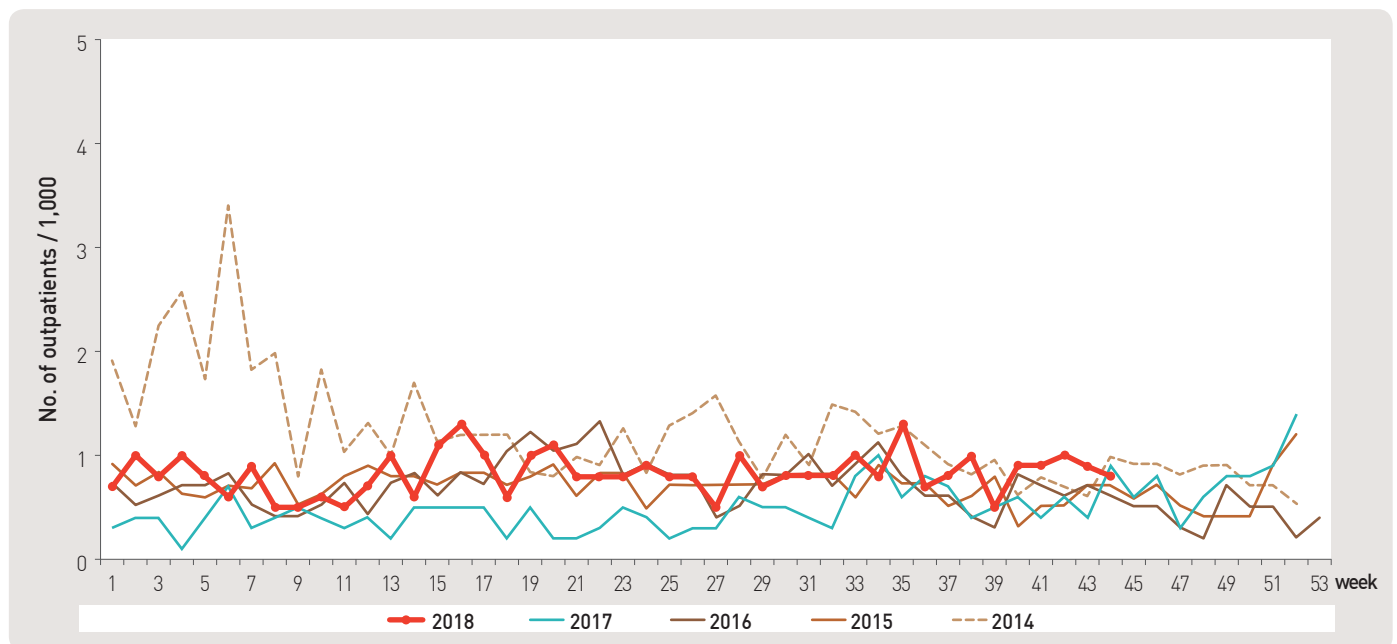


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases[†], Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 592개 참여)에서 신고기관 당 성기단순포진 3.4건, 클라미디아 감염증 2.0건, 침균콘딜롬 2.0건, 임질 1.2건 발생을 신고함.

※ 제44주차 신고의료기관 수 : 임질 11개, 클라미디아 46개, 성기단순포진 37개, 침균콘딜롬 28개

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2018	Cum. 5-year average [§]
1.2	7.2	9.7	2.0	27.2	23.1	3.4	36.4	26.0	2.0	20.3	16.0

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.

※ 문의: (043) 719-7919, 7922

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (44th week)

▣ Waterborne and foodborne disease outbreaks, Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 집단발생이 6건(사례수 32명) 발생하였으며 누적발생건수는 668건(사례수 14,054명)이 발생함.

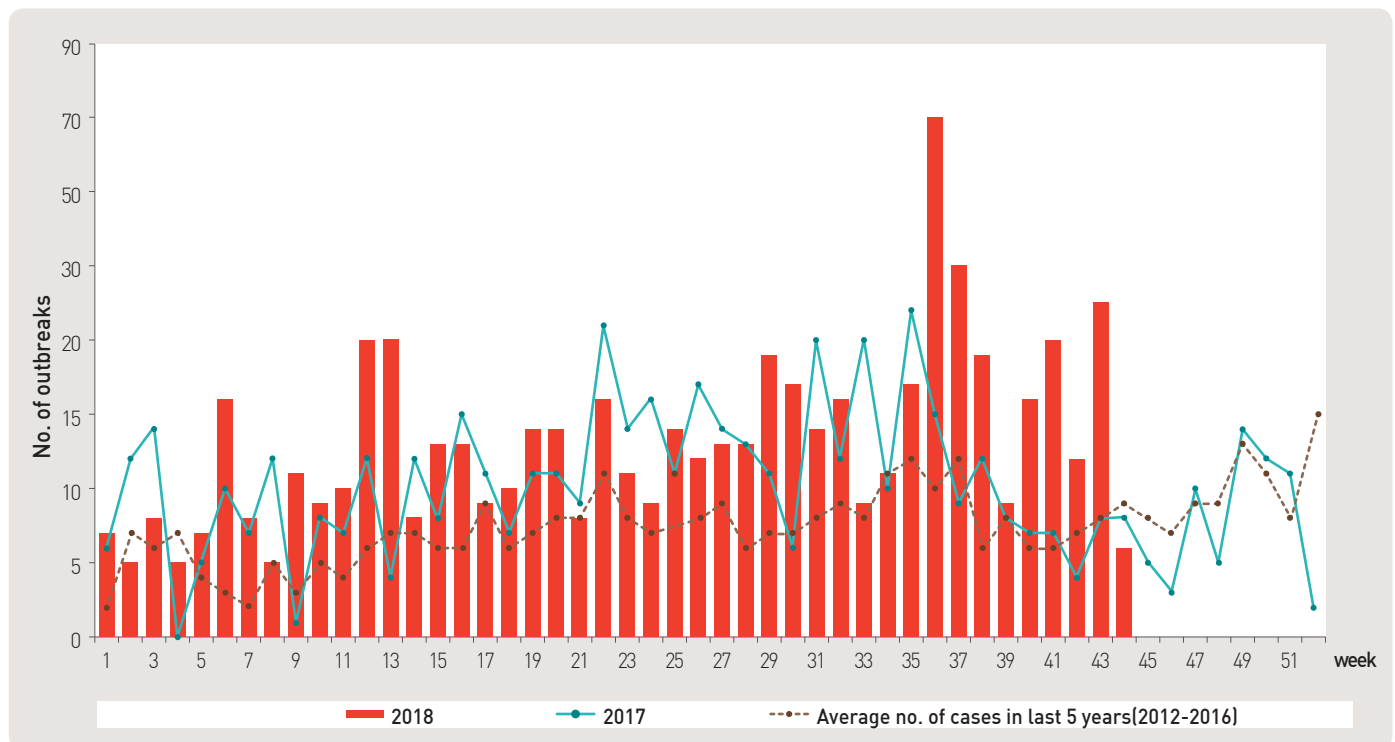


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2017–2018

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황 (44th week)

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 전국 52개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 239건 중 양성 11건 (A/H1N1pdm09 8건, A/H3N2 3건).

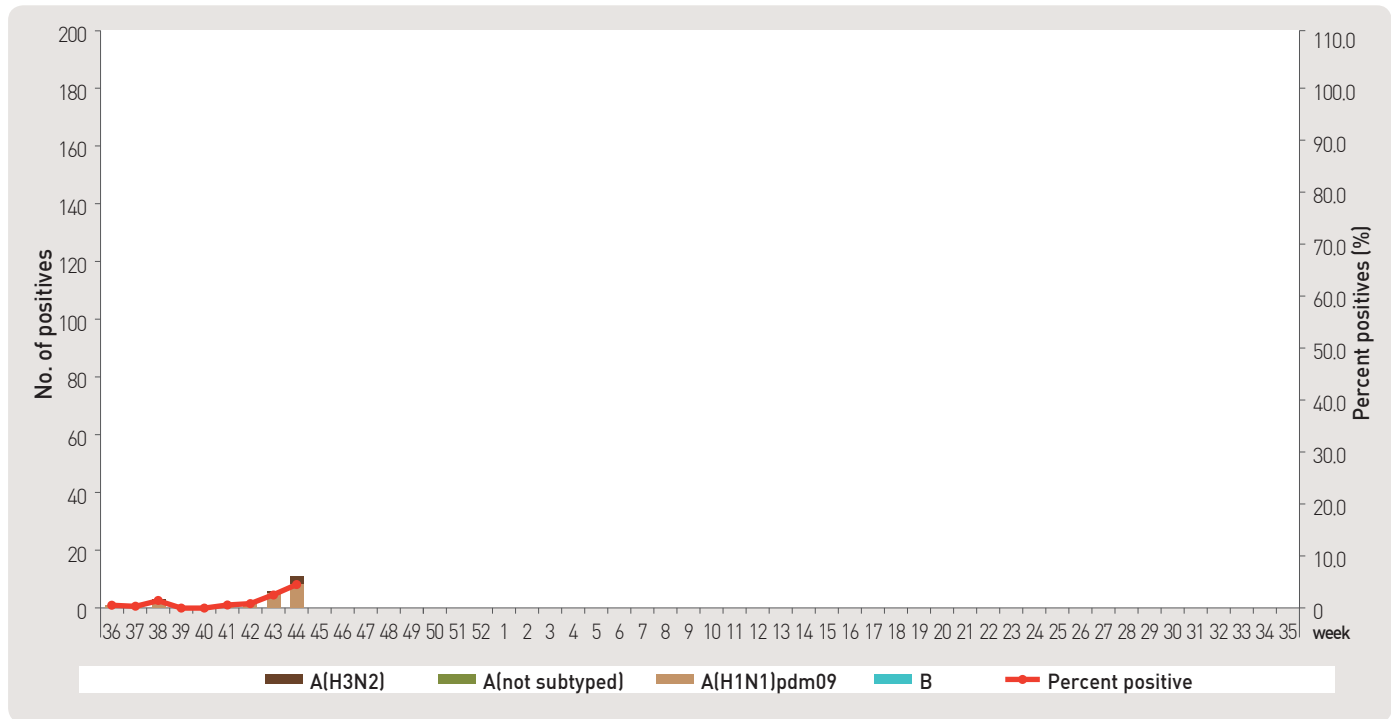


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2018–2019 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년도 제44주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 59.4%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
(최근 4주 평균 208개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2018 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
41	144	43.8	12.5	4.2	2.8	0.7	4.2	18.8	0.7	0.0
42	224	46.4	10.3	3.6	2.7	0.9	5.4	23.2	0.5	0.0
43	224	57.6	10.3	4.1	8.5	2.7	7.1	24.6	0.5	0.0
44	239	59.4	11.7	2.5	6.7	4.6	10.9	21.8	0.8	0.4
Cum.*	831	51.8	11.2	3.6	5.2	2.2	6.9	22.1	0.6	0.1
2017 Cum.▽	11,915	56.6	3.7	6.3	4.6	10.9	4.4	19.4	2.0	5.3

– 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

※ the rate of detected cases between October 7, 2018 – November 3, 2018, (Average No. of detected cases is 208 last 4 weeks)

▽ 2017 Cum. : the rate of detected cases between January 01, 2017 – December 30, 2017

▶ 자세히 보기 : 질병관리본부 → 질병·건강 → 주간 질병감시정보

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 실험실 표본 주간 감시 현황 (43rd week)

■ Acute gastroenteritis-causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending October 27, 2018 (43rd week)

- 2018년도 제43주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 유발 바이러스 검출 건수는 5건(16.1%), 세균 검출 건수는 25건(21.2%) 이었음.

◆ Acute gastroenteritis-causing viruses

Week	No. of sample		No. of detection (Detection rate, %)				
			Group A Rotavirus	Norovirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Total
2018 40	48		0 (0.0)	2 (4.2)	1 (2.1)	2 (4.2)	5 (10.4)
41	49		3 (6.1)	0 (0.0)	2 (4.1)	1 (2.0)	6 (12.2)
42	29		1 (3.4)	1 (3.4)	2 (6.9)	3 (10.3)	7 (24.1)
43	31		0 (0.0)	4 (12.9)	1 (3.2)	0 (0.0)	5 (16.1)
Cum.	2,930		229 (7.8)	324 (11.1)	116 (4.0)	74 (2.5)	743 (25.4)

* 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, %)									Total
			<i>Salmonella</i> spp.	Pathogenic <i>E.coli</i>	<i>Shigella</i> spp.	<i>V.parahaemolyticus</i>	<i>V. cholerae</i>	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>C.perfringens</i>	<i>S. aureus</i>	<i>B. cereus</i>	
2018 40	181		14 (7.7)	14 (7.7)	0 (0)	3 (1.7)	0 (0)	0 (0)	2 (1.1)	4 (2.2)	2 (1.1)	39 (21.5)
41	139		4 (2.9)	11 (7.9)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	1 (0.7)	1 (0.7)	2 (1.4)	19 (13.7)
42	124		6 (4.8)	7 (5.6)	1 (0.8)	0 (0)	0 (0)	1 (0.8)	1 (0.8)	1 (0.8)	3 (2.4)	20 (16.1)
43	118		3 (2.5)	10 (8.5)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	1 (0.8)	1 (0.8)	10 (8.5)	25 (21.2)
Cum.	7,542		251 (3.3)	387 (5.1)	5 (0.1)	11 (0.1)	0 (0)	76 (1.0)	83 (1.1)	139 (1.8)	148 (2.0)	1,103 (14.6)

* 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)

▶ 자세히 보기 : 질병관리본부 → 질병·건강 → 주간 질병감시정보

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 실험실 주간 감시 현황 (43rd week)

Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending October 27, 2018 (43rd week)

- 2018년도 제43주 실험실 표본감시(10개 시·도 보건환경연구원, 전국 56개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 16.2%(6건 양성/37 검체), 2018년 누적 양성률 33.8%(683건 양성/2,022 검체)임.
- 무균성수막염 6건(2018년 누적 212건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2018년 누적 273건), 합병증 동반 수족구 0건(2018년 누적 25건), 기타 0건(2018년 누적 173건)임.

Aseptic meningitis

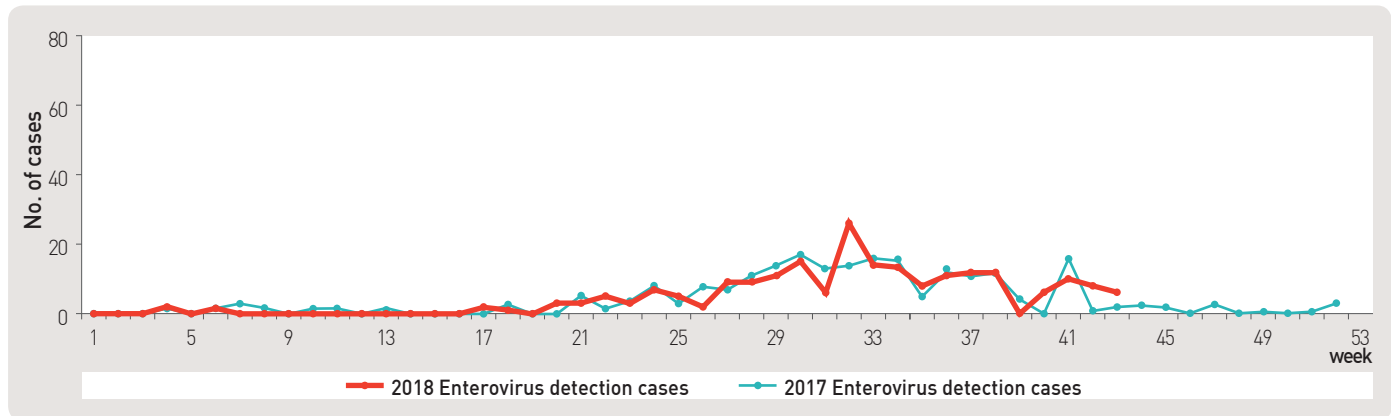


Figure 7. Detection cases of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2017 to 2018

HFMD and Herpangina

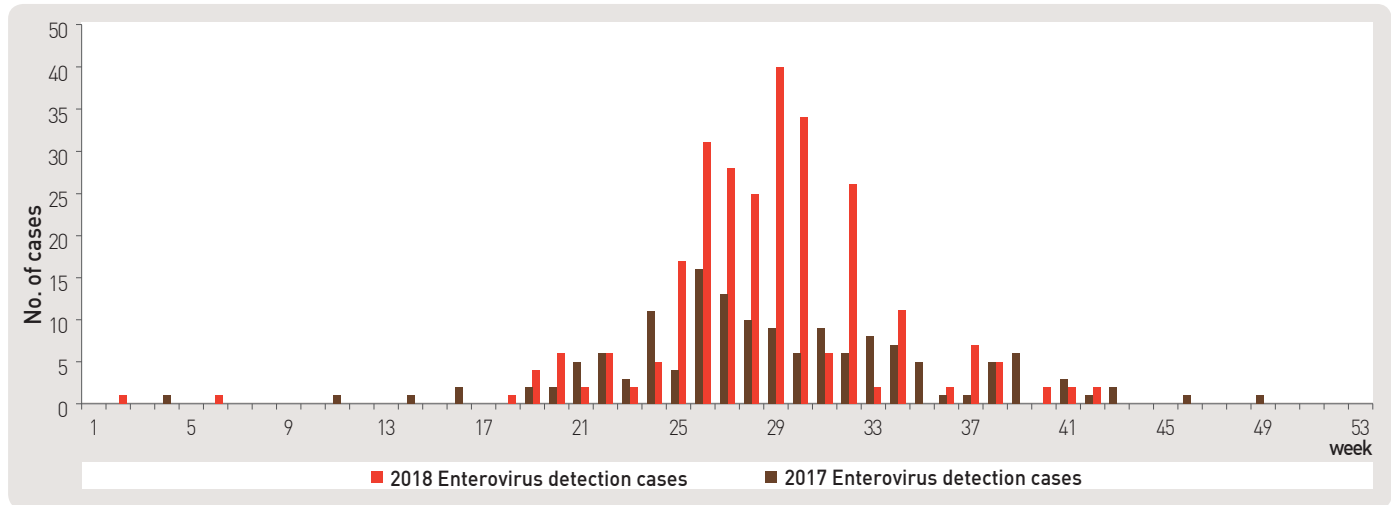


Figure 8. Detection cases of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2017 to 2018

HFMD with Complications

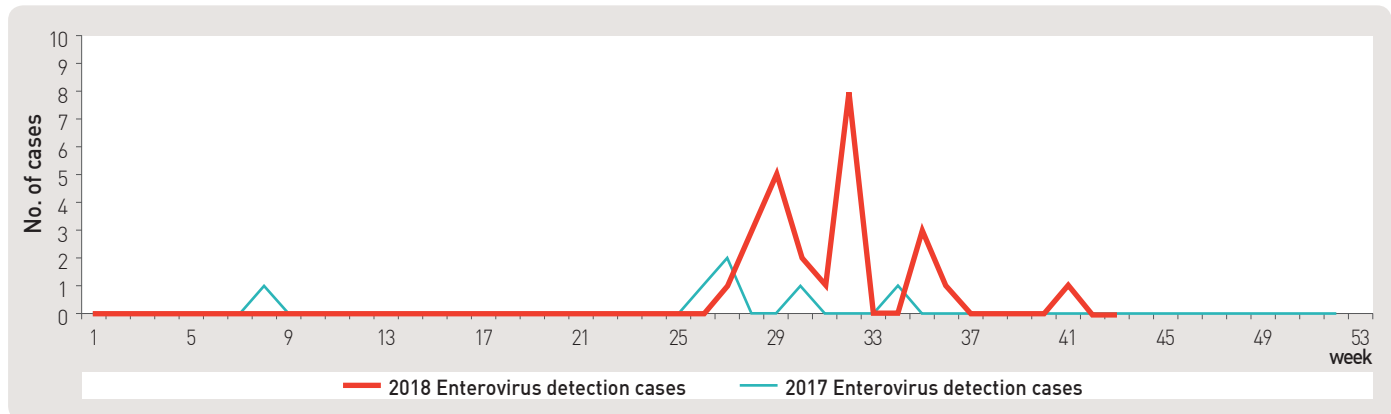


Figure 9. Detection cases of enterovirus in HFMD with complications patients from 2017 to 2018

3.1 매개체감시 / 말라리아 매개모기 주간 감시현황 (43rd week)

▣ Vector surveillance: Malaria vector mosquitoes, Republic of Korea, week ending October 27, 2018 (43rd week)

- 2018년도 제43주 말라리아 매개모기 주간 발생현황(3개 시·도, 총 20개 채집지점)
 - 전체모기 : 평균 1개체로 평년 및 전년 3개체 대비 2개체(66.7%) 감소, 이 전주 1개체 대비 동일
 - 말라리아 매개모기 : 평균 1개체 미만으로 평년, 전년, 이 전주 대비 동일

※ 모기수 산출법 : 1주일간 유문등에 채집된 모기의 평균수(개체수/트랩/일)

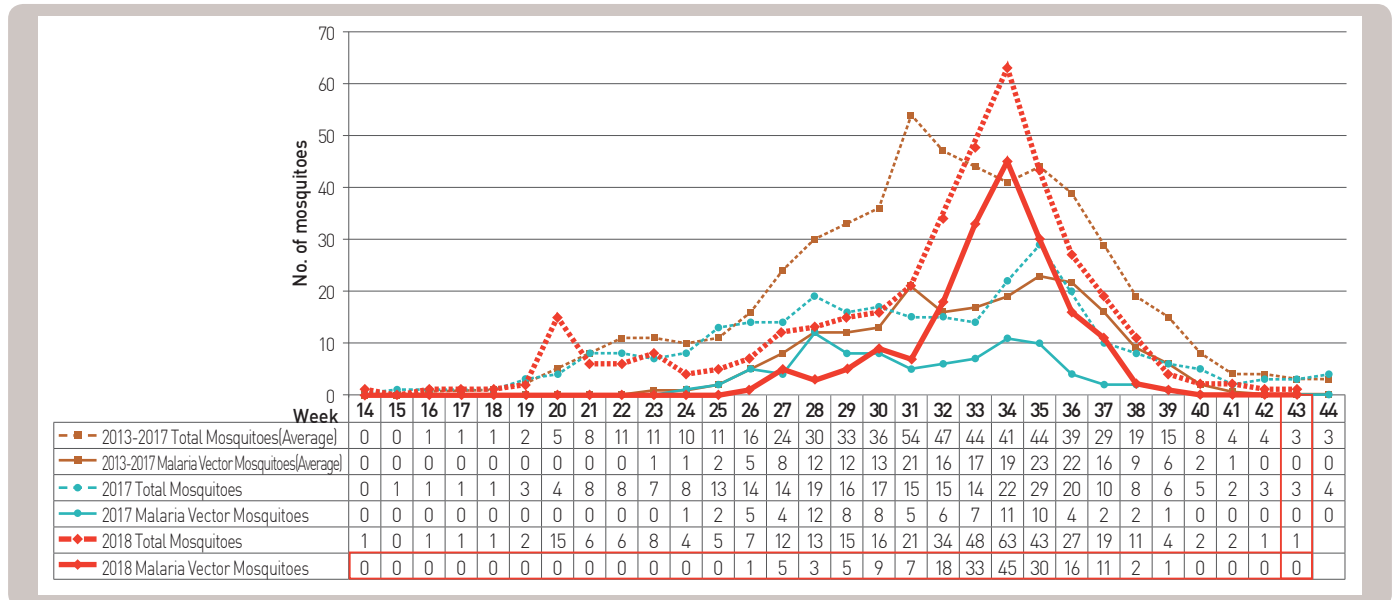


Figure 10. Weekly incidences of malaria vector mosquitoes in 2018

3.2 매개체감시 / 일본뇌염 매개모기 주간 감시현황 (43rd week)

▣ Vector surveillance: Japanese encephalitis vector mosquitoes, Republic of Korea, week ending October 27, 2018 (43rd week)

- 2018년 제43주 일본뇌염 매개모기 주간 발생현황 : 10개 시·도 보건환경연구원(총 10개 지점)
 - 전체모기 : 평균 16개체로 평년 28개체 대비 12개체(42.9%) 감소, 전년 11개체 대비 5개체(45.5%) 증가, 이 전주 32개체 대비 16개체(50.0%) 감소,
 - 일본뇌염 매개모기(Japanese encephalitis vector, JEV) : 평균 4개체로 평년 2개체 대비 2개체(100.0%) 증가, 전년 1개체 대비 3개체(300.0%) 증가, 이 전주 7개체 대비 3개체(42.9%) 감소.

※ 모기수 산출법 : 주 2회 유문등에 채집된 모기의 평균수(개체수/트랩/일)

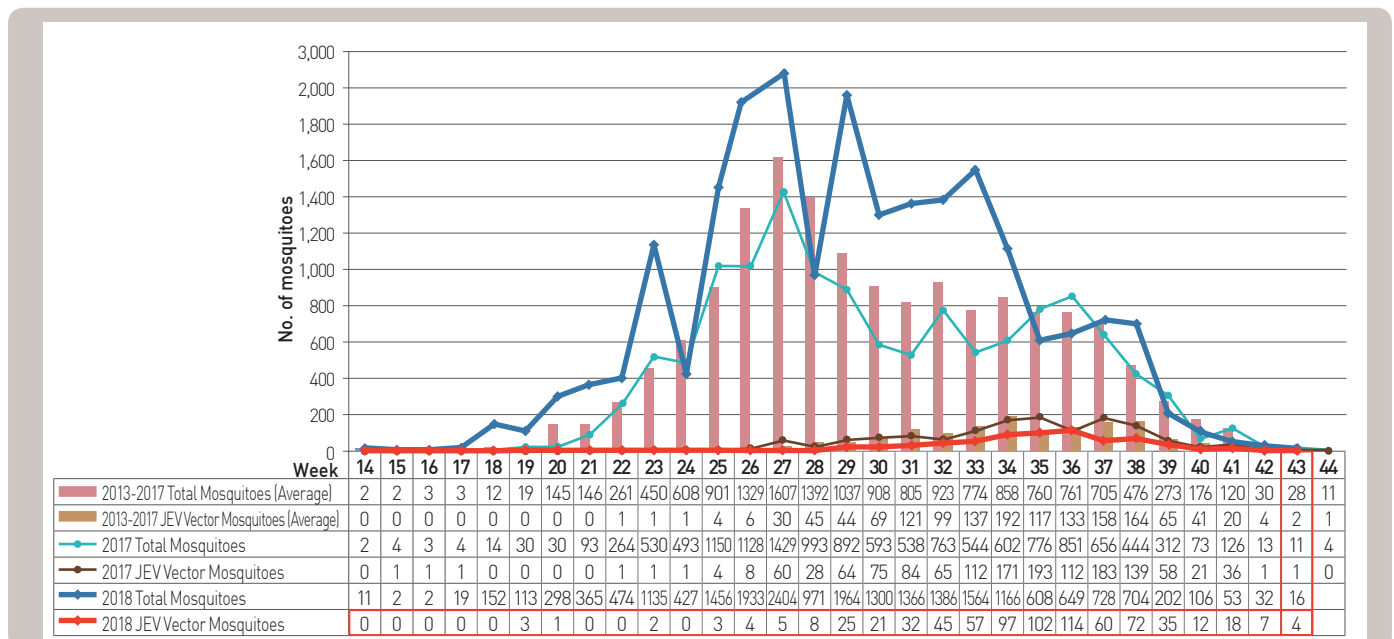


Figure 11. Weekly incidences of Japanese encephalitis vector mosquitoes in 2018

3.3 매개체감시 : 쯔쯔가무시증 매개털진드기 누적 감시현황 (44th week)

■ Vector surveillance : Scrub typhus vector chigger mites, Republic of Korea, week ending November 3, 2018 (44th week)

- 2018년 제44주 쯔쯔가무시증 매개털진드기 주간 발생현황 : 11개 시·도(총 16개 지점)
 - 쯔쯔가무시증 매개털진드기 : 털진드기 지수가 1.8로 평년(13~17년) 동기간(2.5) 대비 28.0% 감소, 전년(2017) 동기간(1.8) 대비 동일, 이전주(1.5) 대비 20.0% 증가

*T.I.: Trap index (No. of chigger/trap)
 ※ 털진드기 산출법 : 1주일간 트랩에 채집된 털진드기의 평균수(개체수/트랩/주)

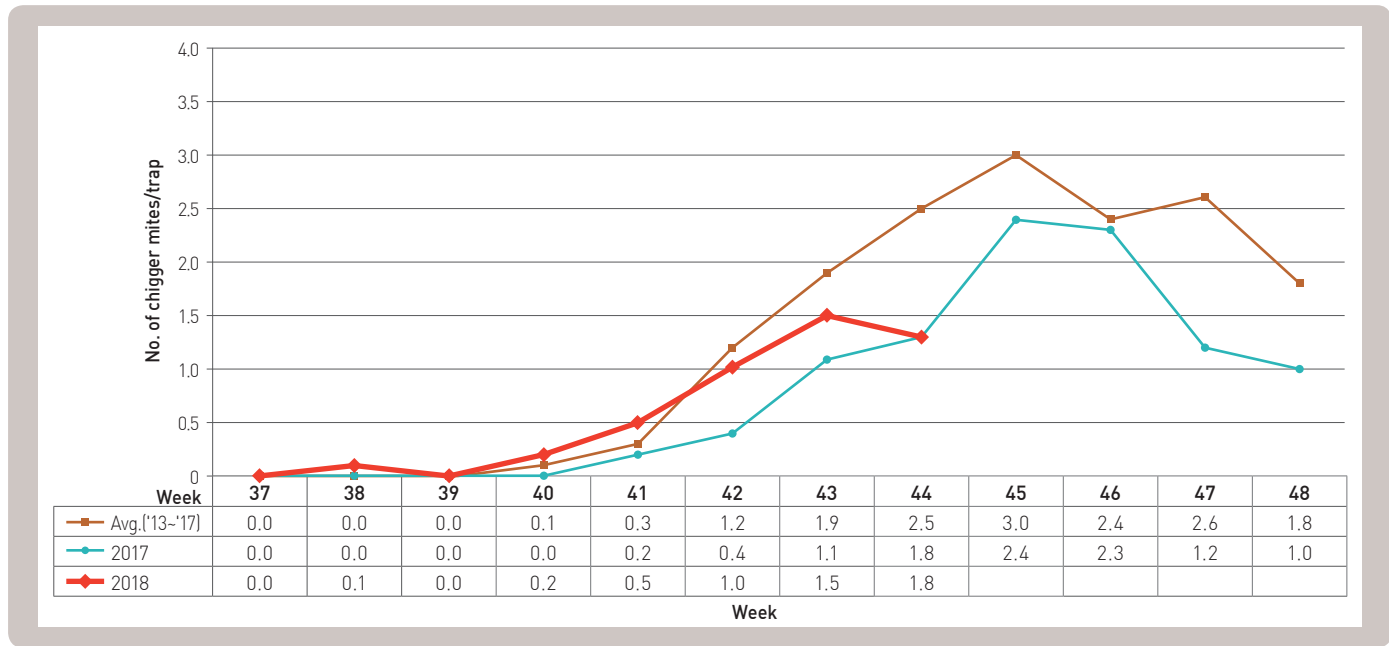


Figure 12. Weekly incidence of scrub typhus vector chiggers in 2018

▶ 자세히 보기 : 질병관리본부 → 민원·정보공개 → 사전정보공개

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 25주) 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 14주까지의 신고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

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

	10주	11주	12주	13주	14주
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.

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 kcdc215@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: kcdc215@korea.kr/ 043-249-3028/3003

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2018년 11월 8일

발 행 인 : 정은경

편 집 인 : 박도준

편집위원 : 최영실, 김기순, 조신희, 조성범, 김봉조, 구수경,
김용우, 조은희, 이은규, 윤여란, 신영림, 김청식, 전경아, 권효진

편 집 : 질병관리본부 유전체센터 의과학지식관리과

충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운 (우)28159

Tel. (043) 249-3028/3003 Fax. (043) 249-3034