



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 18, No. 30, July 31, 2025

Content

조사/감시 보고

- 1123 혈구분석기를 활용한 말라리아 감염 조기진단 시범사업
- 1136 2024년 충청권 해양환경에서의 병원성 비브리오균과 환경인자와의 상관관계 분석

질병 통계

- 1151 청소년 현재 음주율 추이, 2015-2024년



KDCA

Korea Disease Control and
Prevention Agency

Aims and Scope

주간 건강과 질병(*Public Health Weekly Report*) (약어명: *Public Health Wkly Rep*, PHWR)은 질병관리청의 공식 학술지이다.

주간 건강과 질병은 국가 공중보건 관련 조사·감시·연구 결과에 대한 근거 기반의 실용적이며 권위있는 정보를 보건의료인, 공중보건 종사자, 역학자, 국민 등에게 신속하고 정확하게 제공하는 목적으로 발행된다.

주간 건강과 질병은 신속한 전문가 심사를 거쳐 감염병과 비감염성 질병, 손상과 중독, 건강증진 등과 관련된 조사/감시 보고, 집단발병 보고, 현장 보고, 연구 논문, 리뷰와 전망, 권고 보고와 정책 보고 등의 원고를 게재한다. 주간 건강과 질병은 주로 국내의 공중보건 관련 정보를 제공하지만 전 세계 연구자들의 투고를 환영한다.

About the Journal

주간 건강과 질병(eISSN: 2586-0860)은 질병관리청에서 발간하는 학술지이다.

주간 건강과 질병은 연간 50호의 주간 발간 학술지로 매주 목요일에 발행되며, 신속한 전문가 심사 과정을 통해 정보를 적시에 공유한다. 주간 건강과 질병은 오픈 액세스(Open Access) 학술지로, 저작물 이용 약관(<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)에 따라 원본이 적절히 인용되는 조건하에 제한없이 사용이 가능하다.

Submission and Subscription Information

주간 건강과 질병에 투고하고자 하는 모든 논문의 접수는 주간 건강과 질병의 온라인 투고시스템(<https://www.phwr.org/submission>)을 통해서 가능하며 논문투고 시 필요한 모든 내용은 원고 투고 규정과 보고 지침을 참고한다. 주간 건강과 질병은 학술지 홈페이지(<https://phwr.org> 또는 <https://eng.phwr.org>)를 통해 주간 단위로 게시되고 있으며, 무료로 구독 가능하다. 정기적 구독을 원하시는 분은 이메일(phwrcdc@korea.kr)로 신청할 수 있다.

기타 모든 문의는 전화(+82-43-719-7557, 7552, 7561, 7562), 팩스(+82-43-719-7569) 또는 이메일(phwrcdc@korea.kr)을 통해 가능하다.

발행일: 2025년 7월 31일

발행인: 임승관

발행처: 질병관리청

편집사무국: 질병관리청 질병감시전략담당관
(28159) 충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운
전화. +82-43-719-7557, 7552, 7561, 7562, 팩스. +82-43-719-7569
이메일. phwrcdc@korea.kr
홈페이지. (국문) <https://phwr.org> (영문) <https://eng.phwr.org>

편집제작: ㈜메드랑
(04521) 서울시 중구 무교로 32, 효령빌딩 2층
전화. +82-2-325-2093, 팩스. +82-2-325-2095
이메일. info@medrang.co.kr
홈페이지. <http://www.medrang.co.kr>

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an Open Access journal distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

편집위원장

최보울

한양대학교 의과대학

부편집위원장

곽진

전북대학교 의과대학

손현진

동아대학교 의과대학

류소연

조선대학교 의과대학

염준섭

연세대학교 의과대학

박지혁

동국대학교 의과대학

하미나

단국대학교 의과대학

편집위원

고현선

가톨릭대학교 의과대학 서울성모병원

권윤형

질병관리청

김동현

한림대학교 의과대학

김성순

질병관리청

김수영

한림대학교 의과대학

김용우

질병관리청 국립보건연구원

김윤희

인하대학교 의과대학

김은진

질병관리청

김중곤

서울의료원

김호

서울대학교 보건대학원

박영준

질병관리청

백선경

질병관리청

송경준

서울대학교병원운영 서울특별시보라매병원

송진수

서울대학교 의과대학

신다연

인하대학교 자연과학대학

안정훈

이화여자대학교 신산업융합대학

엄중식

가천대학교 의과대학

오경원

질병관리청

오주환

서울대학교 의과대학

유석현

가톨릭대학교 의과대학

유영

고려대학교 의과대학

유효순

질병관리청

이경주

국립재활원

이선희

부산대학교 의과대학

이윤환

아주대학교 의과대학

이재갑

한림대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 의과대학

이형민

질병관리청

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

가천대학교 의과대학

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

김시우

질병관리청

이은영

질병관리청

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

윤미라

질병관리청

원고편집인

조소연

(주)메드랑

혈구분석기를 활용한 말라리아 감염 조기진단 시범사업

신희은¹ , 신현일² , 이명노¹ , 주정원¹ , 이희일^{1*}

¹질병관리청 진단분석국 매개체분석과, ²질병관리청 감염병정책국 인수공통감염병관리과

초 록

목적: 말라리아는 모기를 매개로 하는 감염 질환으로, 우리나라에서는 비무장지대 인근 지역에서 주로 발생하고 있다. 질병관리청은 2030년 말라리아 퇴치를 목표로 제2차 말라리아 재퇴치 실행계획(2024-2028)을 추진 중에 있으며, 목표를 달성하기 위해서는 말라리아 감염자에 대한 적극적인 조기진단이 필요하다. 이를 위해 말라리아 무증상자 또는 비의심자에 대한 말라리아 조기진단 시범사업을 기획하고 추진하였다.

방법: 말라리아 위험지역 내 47개 의료기관(보건소, 병원, 군병원, 수탁기관)이 시범사업에 참여하였으며, 의료기관 내원(건강검진 포함) 시 혈구분석 과정에서 이상적혈구(infected red blood cells [iRBC] flag)가 검출되면 말라리아 감염 의심자로 분류하고, 말라리아 확인 진단을 실시하도록 하였다. 매월 iRBC 검출수 및 진단건수 등 현황자료를 제출받아 취합하여 분석하였다.

결과: 2024년 4-10월까지 총 727만 건의 혈구분석 중 1,359건의 iRBC가 검출되었고, 그중 499건을 대상으로 확인진단이 실시되어 총 239건의 말라리아 양성을 확인하였다.

결론: 이번 사업은 기존 의료시스템을 이용하여 추가예산 및 인력 투입없이 말라리아 조기진단의 가능성을 확인했다는 점에서 의의가 있다. 향후에는 말라리아 확인진단을 위한 검사비 지원 등 적정 예산을 투입하여 iRBC 검출건 전체를 대상으로 말라리아 확인진단을 실시한다면 감염자 조기발견의 효과를 극대화시켜 우리나라 말라리아 퇴치목표 달성에 효과적인 수단이 될 것이다.

주요 검색어: 말라리아; 이상적혈구; 혈구분석기; 조기진단

서 론

말라리아는 얼룩날개모기 속(Genus *Anopheles*) 암컷 모기를 매개로 하는 기생충 감염 질환으로, 주로 열대 및 아열대 지역에서 유행하며, 우리나라에서는 북한과의 경계 지역인 비무장지대(demilitarized zone) 인근에서 유행하고 있다[1].

말라리아는 열원충(*Plasmodium*)의 종류에 따라 질병의 중증도가 다르며, 국내에서는 삼일열말라리아(*Plasmodium vivax*)가 유일한 토착성 말라리아(indigenous malaria)로 알려져 있다[1]. 감염모기에서 사람으로 전달된 열원충은 간세포에서 분열증식하는 잠복기(6-18개월)를 거치게 되는데, 잠복기 이후 초기 증상은 감기와 유사하기 때문에, 삼일열말라리아

Received May 15, 2025 Revised June 13, 2025 Accepted June 17, 2025

*Corresponding author: 이희일, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



KDCA
Korea Disease Control and Prevention Agency

핵심요약**① 이전에 알려진 내용은?**

최근 연구 결과 혈구분석기를 활용한 이상적혈구(infected red blood cells, iRBC) 검출 사례에서 말라리아 양성률은 80% 이상으로 보고되어, 말라리아 무증상 또는 비의심자에 서도 말라리아 조기진단이 가능한 것으로 확인되었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

혈구분석기를 활용한 말라리아 감염자 조기선별이라는 새로운 진단 접근의 현장 적용성과 실현 가능성을 확인하였다.

③ 시사점은?

혈구분석기를 활용한 iRBC 검출은 말라리아 조기진단에 효과적이다. 향후에는 iRBC 검체에 대한 말라리아 검사가 모두 이루어질 수 있도록 지원을 확대할 필요가 있다.

아 감염을 바로 의심하기 어렵다[2]. 이러한 이유로 ‘증상 발현-의료기관 방문-진단’까지의 기간이 지연되는 진단지연(diagnostic delay, DD)이 발생하게 된다. 이 기간 동안 인체 내 말라리아 생식모세포(gametocyte)가 증가하게 되고, 감염모기 생산을 증가시킬 가능성이 높아짐에 따라 결과적으로 지역사회로 말라리아가 전파될 위험성이 커진다[3].

질병관리청은 2030년 말라리아 퇴치를 목표로 제2차 말라리아 재퇴치 실행계획(2024-2028)을 2024년 4월에 발표하여 추진 중에 있다. 현재까지 퇴치인증 국가는 총 44개국(2024년 12월 기준)으로, 퇴치인증 과정에서 말라리아 양성자 1명을 찾기 위해 수천에서 수십만 건의 검사를 실시하는 것으로 알려져 있다[4]. 우리나라의 말라리아 감시체계는 주로 환자신고와 증상 기반 접근에 의존하는 수동감시(passive surveillance)에 치중하고 있으나, 말라리아 퇴치 달성을 위해서는 대규모 스크리닝 검사 시스템과 같은 능동감시(active surveillance)가 필요한 실정이다.

최근 혈구분석기(hematology analyzer)를 이용한 이상적혈구(infected red blood cell, iRBC) 검출 기술이 말라리아 진

단의 보조 도구로 활용될 수 있다는 연구 결과가 발표되었다. Huh 등[5]은 국내 경기도 일산 지역 내 발열 환자 221명(삼일열말라리아 감염자 67명 포함)을 대상으로 iRBC 민감도 83.6%, 특이도 100.0%를 확인하였고, Khodaiji 등[6]은 인도에서 다수 의료기관이 협력한 연구를 통해 575명(삼일열말라리아 187명 포함)에서 iRBC 민감도 88.7%, 특이도 100.0% 결과를 확인할 수 있었다. 이 연구에서는 추가로 타 질환(빈혈, 망상적혈구증, 혈소판감소증, 호산구증가증, 뎅기열)의 영향을 받지 않는 것으로 확인되었다. 또한, 최근 메타분석을 통한 총 15편의 연구를 종합하여 혈구분석기를 활용한 말라리아 진단의 정확성을 평가한 연구 결과, 전체 민감도 95.0%, 특이도 99.0%로 매우 높은 진단 정확도를 보인 바 있다[7].

이 결과는 내원 후 말라리아 진단까지 소요되는 의학적 진단 소요일(medical diagnostic delay, MDD)을 단축시켜 초기에 말라리아를 진단할 가능성을 보여준다. 일반적으로 혈구분석은 의료기관에서 실시하는 기본검사로 대규모 혈구분석이 가능하며, 이를 통해 발견된 iRBC 검출건에 대한 확인진단을 통해 말라리아 환자를 조기에 진단할 수 있다.

이에 따라 질병관리청 매개체분석과에서는 혈구분석기를 활용한 말라리아 조기진단 시범사업을 의료기관(보건소, 병원 등)의 협조를 받아 수행하였다. 이 글을 통해 시범사업의 주요 결과와 한계점을 살펴보고, 향후 말라리아 퇴치를 위한 조기진단 사업에 활용하고자 한다.

방 법**1. 참여기관 모집**

2024년 2월 말라리아 위험지역 내 iRBC 검출이 가능한 130개 의료기관을 대상으로 국군의무사령부, 4개 시·도(강원, 경기, 서울, 인천) 및 36개 보건소의 협조를 받아 사업계획서를 전달하고, 참여 협조를 요청하였다.

2. 사업수행체계

3월 사업 설명회 및 보건소 교육을 시작으로, 내원자(건강검진 포함)의 혈액 검체에서 iRBC가 검출되면 자체 말라리아 확인진단이 가능한 경우에는 현미경 검사를 실시하였고, 자체 진단이 불가능한 경우에는 질병관리청 또는 관할 보건환경연구원으로 유전자검사를 의뢰(보건소 및 군병원 → 질병관리청, 의료기관 → 보건환경연구원)하였다. 검사의뢰 및 결과통보는 방역통합정보시스템(eid.kdca.go.kr)을 통해 진행하였다. 질병관리청은 매월(4-10월) 혈구분석건수, iRBC 검출건수, 말라리아 확인진단 시행건수, 말라리아 양성건수를 취합하여 결과를 분석하였다(그림 1).

3. 이상적혈구(iRBC) 검출

iRBC는 Sysmex 혈구분석기(XN-550, 1000, 1500, 2000, 9000, 9100 등)를 사용하여, 유세포 분석(flow cytometry)을 통해 검출되었다. 혈구분석기 측정 방식으로 측면 형광광(side fluorescence light), 전방 산란광(forward scattered light), 측면 산란광(side scattered light)이 있으며, iRBC는 백혈구 채널(white cell nucleated channel, WNR)과 백혈구 감별 채널(white cell differential channel, WDF)을 통해 측정 및 분류된다. WNR 및 WDF 산란도표에서 특정 이상이 감지되면 iRBC flag가 자동으로 생성되며, flag 100 이상인 경우 iRBC로 판단하였다[4,5].

4. 말라리아 확인진단

말라리아 확인진단에는 현미경 및 유전자 검사법이 있다. 현미경 검사는 혀 모양(tongue-shape)의 박충슬라이드를 제작한 후, Giemsa 또는 시판 염색 키트(Hemacolor® Rapid Staining Kit; Merck Millipore)를 이용하여 염색하고, 고배율($\times 100$)에서 종 감별을 실시하였다. 유전자 검사는 혈액에서 DNA 추출 후, nested polymerase chain reaction을 수행하여 자동 전기영동 장치(QIAxcel; QIAGEN)를 통해 양성 및 음성을 판별하였다.

결 과

본 사업은 말라리아 위험지역 내 iRBC를 검출할 수 있는 혈구분석기를 보유하고 있는 기관 130개 중 47개 의료기관(보건소 6개, 병원 22개, 군병원 12개, 수탁기관 7개)이 시범 사업에 참여하였다. 보건소 및 병원은 경기도 46.4% (13개), 인천 28.6% (8개), 서울 17.9% (5개), 강원도 7.1% (2개) 순의 참여분포를 보였고, 군병원은 전국 12개 기관 모두 참여하였다. 수탁기관의 경우 대부분 수도권에 위치해 있었다(그림 2).

사업기간 동안 총 727만 건의 혈구분석이 수행되었고, 1,359건의 iRBC가 검출되었다. 검출된 사례에 대한 말라리아 확인진단 의뢰건수는 499건으로 이 중 239건이 실제 말라리아 양성으로 확인되었다. 말라리아 확인진단 검사 의뢰는 보

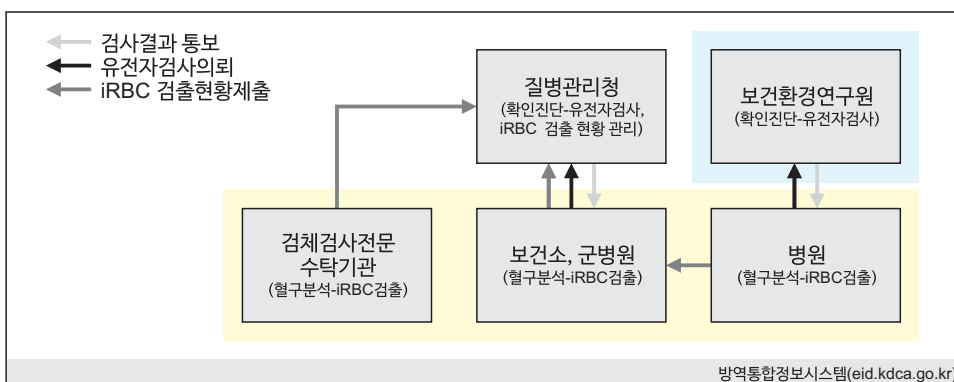


그림 1. 말라리아 조기진단 시범사업 체계도
iRBC=infected red blood cells.

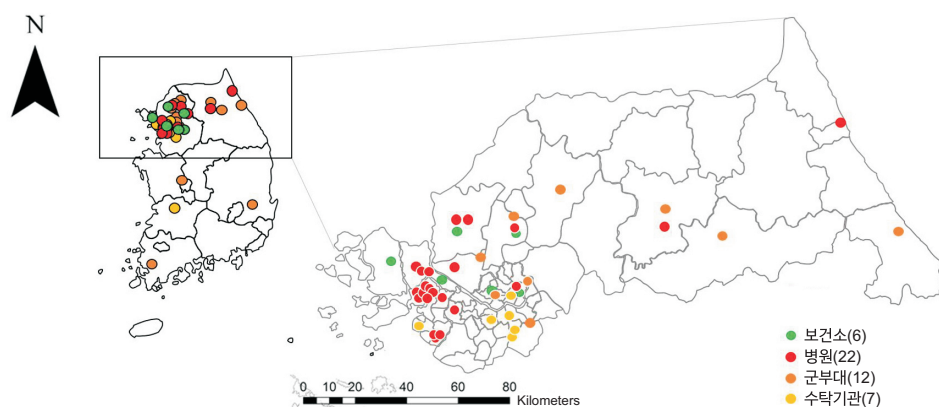


그림 2. 국내 말라리아 감염 조기진단 사업 참여기관

표 1. 기관별 말라리아 검사의뢰율

기관	혈구분석건수	iRBC 검출건수	말라리아 확진진단 시행건수(%)	말라리아 양성건수
보건소	13,281	14	14 (100.0)	2
병원	2,045,012	296	195 (65.9)	93
수탁기관	5,126,021	1,006	247 (24.6)	101
군병원	87,306	43	43 (100.0)	43
합계	7,271,620	1,359	499 (37.0)	239

iRBC=infected red blood cells.

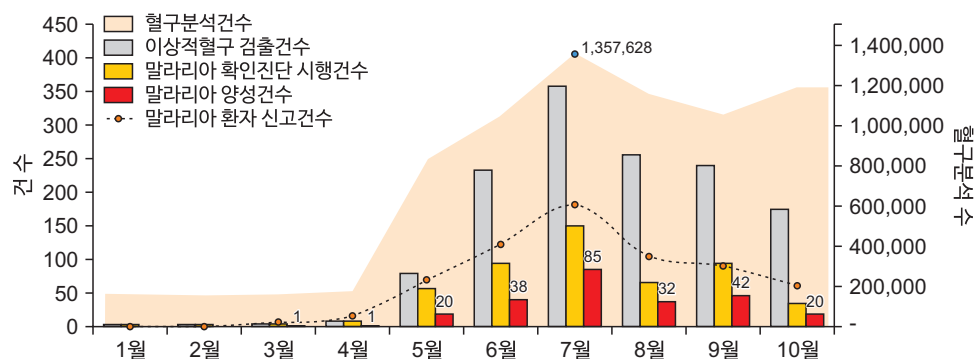


그림 3. 월별 혈구분석 현황(2024년)

건의의 경우 모든 iRBC 검출 사례에 대해 확진진단 검사가 수행되었으나, 병원에서는 65.9% (195/296건), 수탁기관은 24.6% (247/1,006건) 수준으로 낮은 검사율을 보였다(표 1). 월별 혈구분석 결과, 말라리아가 유행하는 시기인 6-9월에 iRBC 검출이 증가하는 경향을 보였고, 이는 2024년 국내 말라리아 환자 발생과 비슷한 양상을 보였다(그림 3).

추가적으로 iRBC를 통해 말라리아 감염이 확인된 일부 사례에 대해 내원사유를 6개 보건소의 협조를 받아 조사한 결

과, 총 19건 중 11건이 말라리아 무증상 또는 비의심자의 사례였다. 무증상자로부터 진단된 사례는 2건으로 1명은 다리 골절, 다른 1명은 쇼크 증상으로 내원한 환자였다. 나머지 9명은 발열이 주요 증상이었지만 내원 당시 말라리아를 의심하지는 못하였고, 혈구분석에서 iRBC가 검출되면서 확진진단을 통해 말라리아가 양성으로 확인된 사례였다(표 2). 말라리아 양성자는 말라리아 관리지침에 따라 해당 의료기관에서 치료가 이루어졌다[8].

표 2. 말라리아 조기진단사례

보건소	병원	말라리아 양성자	말라리아 의심(%)	말라리아 비의심 또는 무증상(%)	내원사유
서울 강서구	이대서울병원	9	4 (44.4)	5 (55.6)	발열(응급실 내원)
서울 중랑구	서울의료원	2	1 (50.0)	1 (50.0)	쇼크 증상(응급실 내원)
인천 서구	검단탑병원	1	1 (100.0)	0 (0.0)	-
인천 서구	온누리병원	2	1 (50.0)	1 (50.0)	다리 골절(응급실 내원)
경기도 파주시	파주병원	2	0 (0.0)	2 (100.0)	발열(응급실 내원)
경기도 부천시	부천세종병원	2	1 (50.0)	1 (50.0)	발열(40℃) (응급실 내원)
경기도 의정부시	경기도의료원	1	0 (0.0)	1 (100.0)	발열(응급실 내원) 감기약 처방받고 귀가 이후 혈구분석에서 iRBC 검출
의정부병원					
전체		19	8 (42.1)	11 (57.9)	

iRBC=infected red blood cells; -=not available.

논 의

삼일열말라리아 감염 증상은 경미한 경우가 많아 감기와 혼동되는 경우가 많다. 이러한 이유로 삼일열말라리아 감염자는 증상 발생 이후 자발적으로 의료기관에 방문하기까지 시간이 지연되는 경우가 많은데, 이를 환자지연(patient delay, PD)이라 한다. DD는 말라리아 감염자의 치료 시점을 늦추게 하여, 지역 내 감염 확산 위험성을 증가시킨다[3,9]. 감염자를 조기에 발견하고 적절한 치료를 제공하는 것은 말라리아 퇴치를 위해 매우 중요하다. 따라서 PD와 MDD를 최소화하는 조기진단 체계의 강화는 말라리아의 효과적인 관리를 위한 핵심 전략이라고 판단된다. 혈구분석기를 통한 iRBC 검출은 MDD의 소요일을 획기적으로 단축할 수 있는 하나의 수단으로 이번 조기진단 시범사업을 통해 내원자로부터 말라리아 감염자를 선별하는 역할을 수행하였다.

시범사업은 2024년 국내 말라리아 신고건수 659건의 36.3%에 해당하는 239건의 말라리아 양성 환자를 발견하는 성과가 있었다[8]. 이들 모두가 말라리아를 의심하지 않은 경우로 보기엔 무리가 있지만, 말라리아 양성자 19건에 대한 심층역학조사 결과를 보면 상당수에서 진단소요일을 단축시키는 데 기여했을 것으로 판단된다. 이번 시범사업을 통해 혈구분석기를 활용한 말라리아 감염자 조기선별이라는 새로운 진

단 접근의 가능성을 제시했다는 점에서 사업의 의의가 있으며, 인력과 재원을 투입하지 않고 기존 인프라를 활용하여 조기진단의 보조수단으로서 실현 가능성과 현장 적용성을 확인할 수 있었다.

그러나, 예산 및 인력 투입 없이 의료기관의 협조에 의해서만 진행된 만큼 몇 가지 한계점이 도출되었다. 첫 번째, 말라리아 확인진단 의뢰율이 37.0% (499/1,359건)로 조기진단체계의 효과를 충분히 확보하는 데는 어려움이 있었다. 이는 확인진단 검사비 발생 및 담당자 인지부족 등으로 확인 검사의 연체가 부족했던 것으로 보인다. 또한, 수탁기관의 경우에는 iRBC 검출 시 의뢰기관인 병원을 통해 환자 동의 등이 필요하기 때문에, 실제 확인진단으로 이행이 어려웠던 것으로 생각된다. 두 번째, 말라리아 무증상 또는 비의심자의 조기진단 연관성 파악을 위한 내원사유 분석 사례는 19건으로 전체 양성자를 대표하기엔 부족한 표본수였다. 이를 보완하기 위해서는 환자 발생 시 역학조사서에 'iRBC 검출건'을 반드시 표기하는 등 홍보 및 교육을 통해 기존 환자와 구분되도록 하는 것이 중요하다.

향후에는 이러한 시범사업의 한계점을 개선하여, 말라리아 검사비 등 실질적인 예산 지원을 통해 iRBC 검출건 전체를 대상으로 말라리아 확인진단을 실시하고, 역학조사관 교육을 통해 내원사유를 명확히 기술하도록 하여 조기진단 효과를 분

적할 예정이다. 본 시범사업은 말라리아 퇴치인증이라는 국가적 목표 달성을 위해 저비용 고효율로 조기진단-치료를 수행하는 중요한 수단으로 역할을 할 것으로 기대된다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: We are grateful to the medical institutions, including hospitals, public health centers, military hospitals, commercial reference laboratories, and the Public Health and Environment Research Institute, for their participation in this project.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Funding acquisition: HIL. Investigation: HIS. Data analysis: HES, MRL, HIS. Visualization: HES, HIS. Writing – original draft: HES. Writing – review & editing: MRL, JWJ, HIL.

References

1. Bahk YY, Lee HW, Na BK, et al. Epidemiological characteristics of re-emerging vivax malaria in the Republic of Korea (1993–2017). *Korean J Parasitol* 2018;56:531–43.
2. Chai JY, Hong ST, Choi MH, et al. Seo and Lee's clinical parasitology. Seoul National University Press; 2011.
3. Douglas NM, Simpson JA, Phyo AP, et al. Gametocyte dynamics and the role of drugs in reducing the transmission potential of *Plasmodium vivax*. *J Infect Dis* 2013;208:801–12.
4. World Health Organization (WHO). World malaria report 2024 [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Feb 12]. Available from: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240104440>
5. Huh HJ, Chung JW, Park SY, Chae SL. Vivax malaria detection using a parasitic red blood cell flag generated by the Sysmex XN-9000 hematology analyzer. *Int J Lab Hematol* 2021;43:1403–7.
6. Khodaiji S, Sehgal K, Sethi M, Mansukhani D. Rapid detection of *Plasmodium vivax* by the hematology analyzer for population screening. *Diagnostics (Basel)* 2023;13:3397.
7. Mulatie Z, Kelem A, Chane E, et al. Diagnostic role of Sysmex hematology analyzer in the detection of malaria: a systematic review and meta-analysis. *PLoS One* 2024;19:e0296766.
8. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Malaria management guidelines [Internet]. KDCA; 2025 [cited 2025 Mar 20]. Available from: https://www.kdca.go.kr/filepath/boardSyview.es?bid=0019&list_no=727365&seq=1
9. Duong MC, Pham OKN, Thai TT, et al. Magnitude and patterns of severe *Plasmodium vivax* monoinfection in Vietnam: a 4-year single-center retrospective study. *Front Med (Lausanne)* 2023;10:1128981.

Surveillance Report

Pilot Project for Early Diagnosis of Malaria Infection Using a Hematology Analyzer

Hee-Eun Shin¹ , Hyun-Il Shin² , Myoung-Ro Lee¹ , Jung-Won Ju¹ , Hee-Il Lee^{1*} 

¹Division of Vectors and Parasitic Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and analysis, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea, ²Division of Zoonotic and Vector Borne Disease Control, Department of Infectious Disease Policy, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: Malaria is a mosquito-borne infectious disease that occurs mainly in areas near the demilitarized zone in the Republic of Korea (ROK). The Korea Disease Control and Prevention Agency is implementing a second Malaria Re-elimination Action Plan (2024–2028) to achieve malaria elimination by 2030. The active and early diagnosis of malaria is essential to achieve this goal. Therefore, a pilot project using hematological analysis was planned and implemented to enable the early detection of malaria in asymptomatic or unsuspected individuals.

Methods: A total of 47 medical institutions (including public health centers, hospitals, military hospitals, and commercial reference laboratories) in malaria-risk areas participated in this pilot project. When infected red blood cells (iRBC) were identified through hematological analysis, individuals were classified as suspected cases and referred for confirmatory malaria testing. Monthly data were collected and analyzed to determine the number of iRBC detections, confirmatory tests for malaria, and malaria-positive cases.

Results: Between April and October 2024, among 7.27 million hematologic analyses, 1,359 cases of iRBC were detected. Among the 499 cases referred for confirmatory diagnosis, 239 were confirmed as malaria positive.

Conclusions: In terms of improving malaria control, it is important to confirm the possibility of an early malaria diagnosis using the existing medical systems without additional budget and human resources. Proactive confirmatory testing for individuals with iRBC, along with the appropriate funding support, can significantly enhance the early detection of infections and serve as an effective strategy for achieving malaria elimination goals in ROK.

Key words: Malaria; Infected red blood cell; Hematology analyzer; Early diagnosis

*Corresponding author: Hee-Il Lee, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak@korea.kr

Introduction

Malaria is a parasitic infection transmitted by female mosquitoes of the genus *Anopheles* and considered endemic in tropical and subtropical regions. In the Republic of Korea

(ROK), malaria is prevalent near the demilitarized zone, the border area with North Korea [1].

The severity of malaria varies depending on the *Plasmodium* species. *Plasmodium vivax* is known to be the only endemic species causing malaria in the ROK [1]. *P. vivax* is transmitted

Key messages

① What is known previously?

Recent studies have shown that hematology analyzers detect infected red blood cells (iRBC) with a malaria-positivity rate of over 80%, enabling an early diagnosis, even in asymptomatic or non-suspected individuals.

② What new information is presented?

This study confirmed the field applicability and feasibility of early malaria detection using hematology analyzers to screen for potential infections.

③ What are implications?

The detection of iRBC using hematology analyzers is an effective method for early malaria diagnosis. With increased financial support, confirmatory tests for malaria could be conducted for all iRBC-positive cases.

from infected mosquitoes to humans. It undergoes an incubation period during which it divides and multiplies in hepatocytes. The initial symptoms of malaria is similar to common cold, making it difficult to immediately suspect a *P. vivax* infection [2]. This leads to a diagnostic delay (DD), where the time from “symptom onset to medical institution visit and ultimately to diagnosis” is delayed. During this period, the number of malaria gametocytes in the body rises, which in turn leads to an increased probability of occurrence of infectious mosquitoes and, consequently, an elevated risk of malaria transmission to the community [3].

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) released “The Second Malaria Re-elimination Action Plan (2024–2028)” in April 2024, with the goal of eliminating malaria by 2030. A total of 44 countries have been certified of malaria elimination to date (as of December, 2024), and it is known that the eradication certification process requires

thousands to hundreds of thousands of tests to find a positive case [4]. In the ROK, passive surveillance of malaria detection is the primary method, relying mainly on patient reporting and symptom-based approaches. Achieving malaria elimination necessitates the implementation of active surveillance strategies, such as the establishment of large-scale screening systems.

A recent study has demonstrated that the detection of infected red blood cells (iRBCs) using hematology analyzers can serve as an adjunct to malaria diagnosis. Huh et al. [5] reported an iRBC sensitivity of 83.6% and specificity of 100.0% in 221 febrile patients (including 67 with *P. vivax* infection) in Ilsan, Gyeonggi-do, ROK. Khodaiji et al. [6] found an iRBC sensitivity of 88.7% and specificity of 100.0% in 575 patients (including 187 with *P. vivax*) in a multicenter collaborative study in India. They further confirmed that the iRBC detection was not affected by other conditions (anemia, reticulocytosis, thrombocytopenia, eosinophilia, or dengue fever). In addition, a recent meta-analysis of 15 studies evaluating the accuracy of diagnosing malaria using a hematology analyzer showed very high diagnostic accuracy, with an overall sensitivity of 95.0% and specificity of 99.0% [7].

These findings indicate the feasibility of expediting malaria diagnosis by diminishing the medical diagnostic delay (MDD) period between patient visits and malaria diagnosis. Complete blood count testing is commonly performed in medical institutions as a routine diagnostic procedure and enables large-scale hematological test. Confirmatory diagnosis of iRBCs can be used to promptly identify patients with malaria.

Therefore, the Division of Vectors and Parasitic Diseases at the KDCA conducted a pilot program for early malaria diagnosis using hematology analyzers in cooperation with medical institutions. This article aims to summarize the key outcomes

and limitations of the pilot program, which can be used for future early diagnosis projects to eliminate malaria.

Methods

1. Recruitment of Participating Organizations

In February 2024, a project plan was shared with 130 medical institutions in malaria-risk areas, requesting their participation in the pilot project. This was carried out with the support of four cities and provinces (Gangwon, Gyeonggi, Seoul and Incheon), and the Armed Forces Medical Command.

2. Operation System of the Program

The program commenced with business briefings and public health center training in March. If iRBC were detected in blood samples from visitors (including those undergoing medical examinations), a microscopic examination was conducted at medical institutions to confirm malaria. If a definitive diagnosis could not be made, a genetic test was referred to the KDCA or Institute of Health and Environment. The test request and result notification were made through the integrated disease control information system (eid.kdca.go.kr). The KDCA analyzed the results by aggregating the number of blood cell analyses, abnormal blood cell detections, confirmed

malaria diagnoses, and positive malaria cases for each month from April to October 2024 (Figure 1).

3. Detection of Infected Red Blood Cells

The detection of iRBCs was performed through the implementation of flow cytometry, utilizing sysmex hematology analyzers (XN-550, 1000, 1500, 2000, 9000, and 9100). The hematology analyzer measurement modalities include side fluorescence light, forward scattered light, and side scattered light. Notably, the iRBCs are measured and classified through the white cell nucleated channel (WNR) and white cell differential channel (WDF). When specific abnormalities were identified in the WNR and WDF scatterplot, iRBC flags were automatically generated. It was determined as an iRBC if the number of flags equaled or exceeded 100 [4,5].

4. Diagnosis of Malaria

Microscopic and genetic tests are used to confirm malaria. Microscopic tests were performed by preparing tongue-shaped thin smear slide, staining with Giemsa or a commercially available Hemacolor[®] Rapid Staining Kit (Merck Millipore), and performing species identification at high magnification ($\times 100$). Genetic tests were performed by extracting DNA from blood, followed by nested polymerase chain reaction to determine

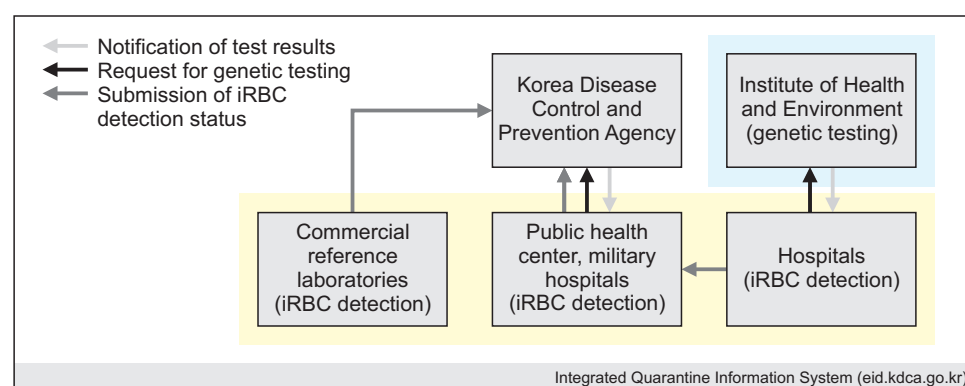


Figure 1. Malaria early diagnosis pilot project system diagram
iRBC=infected red blood cells.

positivity and negativity via an automated electrophoresis system (QIAxcel; QIAGEN).

Results

The pilot program involved 47 medical institutions (6 health centers, 22 hospitals, 12 military hospitals, and 7 commercial reference laboratories) out of 130 that have hematology analyzers capable of detecting iRBCs in malaria-endemic areas. The participating health centers and hospitals were distributed as follows: 46.4% (13) in Gyeonggi-do, 28.6% (8) in Incheon, 17.9% (5) in Seoul, and 7.1% (2) in Gangwon-do, while all 12 military hospitals participated nationwide. The commercial referral laboratories were mostly located in the Seoul metropolitan area (Figure 2).

A total of 7.27 million hematology analyses were performed during the pilot project, detecting 1,359 iRBCs. The number of referrals for confirmatory diagnostic testing was 499, of which 239 were actually confirmed positive for malaria. In the public health centers, all cases with iRBCs referred for malaria confirmatory diagnostic testing. However, the hospitals and commercial reference laboratories had low referral rates of 65.9% (195/296 cases) and 24.6% (247/1,006 cases), respectively (Table 1). A monthly hematology analysis revealed an increase in the detection of iRBCs from June to September, which corresponded to the peak malaria season. This finding was similar to the 2024 malaria outbreak pattern in ROK (Figure 3).

In addition, as a result of investigating the reason for the visit with the cooperation of six public health centers for some

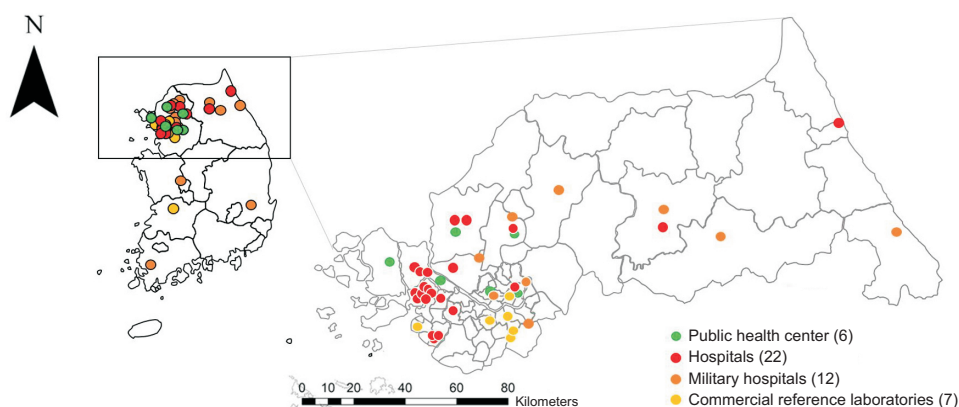


Figure 2. Participating institutions in the malaria early diagnosis program in the Republic of Korea

Table 1. Malaria test referral rate by institution

Institution	No. of blood cell analyses	No. of iRBC detections	No. of confirmatory tests for malaria (%)	No. of malaria positive cases
Public health centers	13,281	14	14 (100.0)	2
Hospitals	2,045,012	296	195 (65.9)	93
Commercial reference laboratories	5,126,021	1,006	247 (24.6)	101
Military hospitals	87,306	43	43 (100.0)	43
Total	7,271,620	1,359	499 (37.0)	239

iRBC=infected red blood cells.

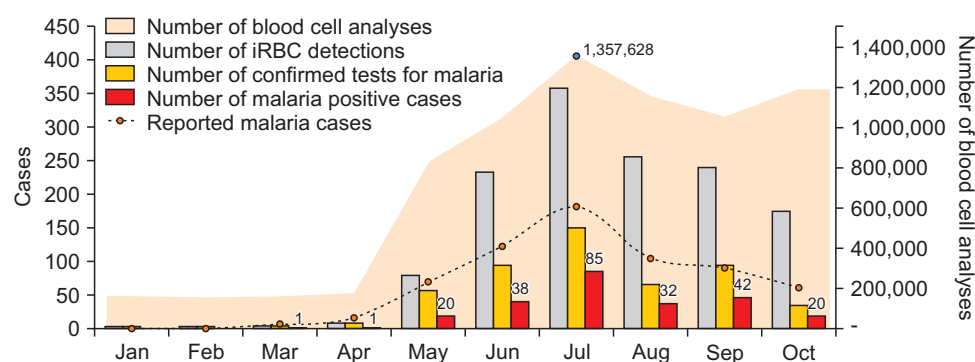


Figure 3. Monthly blood cell analysis status (2024)
iRBC=infected red blood cells.

Table 2. Malaria early diagnosis cases

Public health center	Hospital	Malaria positive cases	Suspected malaria symptoms (%)	Non-suspected or asymptomatic (%)	Reason for visit
Gangseo-gu, Seoul	Ewha Womans University Medical Center	9	4 (44.4)	5 (55.6)	Fever (ED visit)
Jungnang-gu, Seoul	Seoul Medical Center	2	1 (50.0)	1 (50.0)	Shock (ED visit)
Seo-gu, Incheon	Geomdan Top Hospital	1	1 (100.0)	0 (0.0)	-
Seo-gu, Incheon	Onnuri Hospital	2	1 (50.0)	1 (50.0)	Leg fracture (ED visit)
Paju, Gyeonggi-do	Paju Hospital	2	0 (0.0)	2 (100.0)	Fever (ED visit)
Bucheon, Gyeonggi-do	Bucheon Sejong Hospital	2	1 (50.0)	1 (50.0)	Fever 40°C (ED visit)
Uijeongbu, Gyeonggi-do	Gyeonggi Provincial Medical Center Uijeongbu Hospital	1	0 (0.0)	1 (100.0)	Fever (ED visit) Discharged with cold medication; iRBC later detected via hematology.
Total		19	8 (42.1)	11 (57.9)	

ED=emergency department; iRBC=infected red blood cells; -=not available.

cases where malaria infection was confirmed through iRBCs, 11 out of 19 cases were asymptomatic or unsuspected cases of malaria. Two cases were diagnosed in asymptomatic individuals, one with a leg fracture and another with shock. The remaining nine cases exhibited fever as the primary symptom; however, malaria was not suspected at the time of presentation. These cases were confirmed to be malaria-positive through confirmatory diagnosis following the detection of infected iRBC in hematology analysis (Table 2). Those who tested positive for malaria were treated at the medical institution according to the malaria control guideline [8].

Discussion

The symptoms associated with *P. vivax* infection are often mild and can be confused with common cold. Consequently, individuals infected with *P. vivax* frequently experience a delay between the onset of symptoms and their voluntary visit to a medical institution, referred to as patient delay (PD). DDs cause delays treatment for malaria-infected individuals, increasing the risk of spreading infection in the community [3,9]. Early detection of infected individuals and the provision of appropriate treatment are critical to the elimination of

malaria. Therefore, minimizing PD and MDD is considered a key strategy for the effective management of malaria. Detection of iRBCs using hematology analyzers effectively reduced the turnaround time for MDD and contributed to identifying malaria-infected individuals among patients visiting medical institutions.

The pilot program detected 239 malaria-positive patients, representing 36.3% of the 659 malaria cases reported nationwide in 2024 [8]. Although it is difficult to assume that all of these cases were entirely unsuspected of malaria, the results of the in-depth epidemiologic investigation of the 19 malaria-positive cases suggest that the pilot program contributed to reducing the time to diagnosis in a significant number of cases. This pilot project demonstrated a new approach for the early detection of malaria using hematology analyzers and confirmed its feasibility and field applicability by utilizing existing medical systems without requiring additional budget and human resources.

However, there were some limitations, as it was conducted only with the cooperation of medical institutions. First, the referral rate for confirmed malaria diagnoses was 37.0% (499/1,359 cases), which was insufficient to ensure the effectiveness of the early diagnosis system. The low referral rates may be due to the cost burden of testing and a lack of awareness among healthcare providers. In addition, it may have been difficult to implement confirmatory diagnostic tests in commercial reference laboratories as the detection of iRBC required patient consent through the referring hospital. Second, the number of cases analyzed for reasons for visiting medical institutions to identify associations with early diagnosis among asymptomatic or unsuspected malaria patients was limited to 19, which was insufficient to represent all malaria-positive

cases. To address this, asymptomatic or unsuspected cases should be distinguished from suspected malaria cases by accurately recording “iRBC detection” in epidemiological reports.

In the future, the limitations of these pilot projects will be improved, and confirmatory diagnosis of malaria will be conducted for all cases of iRBC detection through budget support such as malaria testing costs. The effect of early diagnosis will be analyzed by ensuring accurate documentation of the reason for the visit through the education of epidemiological investigators. This pilot project may contribute to achieving the national goal of malaria eradication certification by conducting early diagnosis and treatment of malaria using hematology analyzers.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: We are grateful to the medical institutions, including hospitals, public health centers, military hospitals, commercial reference laboratories, and the Public Health and Environment Research Institute, for their participation in this project.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Funding acquisition: HIL. Investigation: HIS. Data analysis: HES, MRL, HIS. Visualization: HES, HIS. Writing – original draft: HES. Writing – review & editing: MRL, JWJ, HIL.

References

1. Bahk YY, Lee HW, Na BK, et al. Epidemiological characteristics of re-emerging vivax malaria in the Republic of Korea (1993-2017). *Korean J Parasitol* 2018;56:531-43.
2. Chai JY, Hong ST, Choi MH, et al. *Seo and Lee's clinical parasitology*. Seoul National University Press; 2011.
3. Douglas NM, Simpson JA, Phyo AP, et al. Gametocyte dynamics and the role of drugs in reducing the transmission potential of *Plasmodium vivax*. *J Infect Dis* 2013;208:801-12.
4. World Health Organization (WHO). World malaria report 2024 [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Feb 12]. Available from: <https://www.who.int/publications/item/9789240104440>
5. Huh HJ, Chung JW, Park SY, Chae SL. Vivax malaria detection using a parasitic red blood cell flag generated by the Sysmex XN-9000 hematology analyzer. *Int J Lab Hematol* 2021;43:1403-7.
6. Khodaiji S, Sehgal K, Sethi M, Mansukhani D. Rapid detection of *Plasmodium vivax* by the hematology analyzer for population screening. *Diagnostics (Basel)* 2023;13:3397.
7. Mulatie Z, Kelem A, Chane E, et al. Diagnostic role of Sysmex hematology analyzer in the detection of malaria: a systematic review and meta-analysis. *PLoS One* 2024;19:e0296766.
8. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Malaria management guidelines [Internet]. KDCA; 2025 [cited 2025 Mar 20]. Available from: https://www.kdca.go.kr/filepath/boardSyview.es?bid=0019&list_no=727365&seq=1
9. Duong MC, Pham OKN, Thai TT, et al. Magnitude and patterns of severe *Plasmodium vivax* monoinfection in Vietnam: a 4-year single-center retrospective study. *Front Med (Lausanne)* 2023;10:1128981.

2024년 충청권 해양환경에서의 병원성 비브리오균과 환경인자와의 상관관계 분석

이동근 , 윤영실 , 전준호* 

질병관리청 충청권질병대응센터 진단분석과

초 록

목적: 병원성 비브리오균은 수인성·식품매개 질환의 주요 원인균이다. 충청권질병대응센터 진단분석과에서는 2021년부터 충청권 해양 환경에서의 병원성 비브리오균과 환경인자와의 상관관계 분석을 위해 충청권역 국립검역소와 감시사업을 진행하였다.

방법: 총 7개 지점에서 126개의 해수를 채취하여 배양검사, 유전자 검출검사와 생화학적 검사를 통해 병원성 비브리오균 검출 및 분리 동정을 실시하였다.

결과: 유전자 검출검사 결과, 장염비브리오균(*Vibrio parahaemolyticus*)이 71.4%의 비율로 가장 높게 검출되었으며, 비브리오 패혈증균(*Vibrio vulnificus*)은 32.5%, 비응집성 콜레라균(*Vibrio cholerae* non-O1, O139)은 17.5%의 비율로 검출되었다. 또한, 분리 동정 결과 비브리오 패혈증균(*V. vulnificus*)과 비응집성 콜레라균(*V. cholerae* non-O1, O139)은 각각 7.9%와 4.8%의 비율로 분리되었다. 해양 환경인자와 병원성 비브리오균 검출률과의 상관관계를 분석한 결과, 해수 온도는 상관계수가 0.751, 그리고 기온은 0.674로 양의 상관관계를 나타내어 병원성 비브리오균 검출률과 높은 상관관계가 있다는 것을 확인하였다.

결론: 최근 기후변화로 인한 해수의 온도 상승은 해양환경 내 병원성 비브리오균의 발생 가능성을 증가시킬 것으로 예상하며, 국민의 안전을 위하여 충청권 해양 환경에서의 병원성 비브리오균 감시를 지속할 예정이다.

주요 검색어: 콜레라균; 비브리오패혈증균; 장염비브리오균; 환경 모니터링

서 론

Vibrio 속은 그람음성 간균으로 해수와 담수를 비롯한 해양환경에서 검출되는 종속 영양 세균이다. 현재 100종 이상의 *Vibrio* 속 균들이 보고되고 있으며, 이 중 *Vibrio cholerae*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio mimicus*,

Vibrio fluvialis, *Vibrio holisae* 등 12종은 인체감염을 유발하는 병원성 비브리오균으로 알려져 있다. 병원성 비브리오균 감염은 오염된 수산물 섭취 또는 상처를 통한 균 침입으로 주로 발생하며, 임상적 증상으로는 발열, 오한, 복통, 설사, 피부병변 등이 있다[1,2]. 국내에서 주로 발생하는 병원성 비브리오균 감염증으로는 콜레라(2급감염병), 비브리오패혈증(3

Received June 2, 2025 Revised June 18, 2025 Accepted June 19, 2025

*Corresponding author: 전준호, Tel: +82-42-257-9435, E-mail: jhjeon78@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



KDCA
Korea Disease Control and
Prevention Agency

핵심요약

① 이전에 알려진 내용은?

병원성 비브리오균은 비브리오속에 속하는 그람 음성의 간균이며, 담수나 해수에서 쉽게 발견되어 오염된 해수 및 어패류에 의해 발생하는 감염 질환의 주요 병원균이다.

② 새로이 알게 된 내용은?

충청권역 내 비브리오균은 주로 6-9월에 검출되었고, 특히 이상기후로 인해 여름철이 길어지면서 9월에 높은 검출률을 나타내었다. 또한, 수온과 기온이 높을수록 검출률이 증가하여 높은 상관관계를 가진다.

③ 시사점은?

최근 급격한 기후변화로 인해 기온과 해수 온도가 상승함에 따라 해양환경에 상존하는 병원성 비브리오균의 분포 양상 변화 및 비브리오균에 의한 감염 질환 발생 가능성 증가가 예상되어 지속적인 감시가 필요하다.

급감염병), 장염비브리오균감염증(4급감염병)이 있으며, 이들 감염병은 각각 콜레라균(*V. cholerae*), 비브리오 패혈증균(*V. vulnificus*), 장염비브리오균(*V. parahaemolyticus*)에 의해 유발된다. 최근 5년간(2020-2024년) 국내 병원성 비브리오균 감염에 의한 연평균 환자 발생은 45.7명으로 집계되었으며, 이 중 콜레라 환자는 2001년도에 마지막으로 발생 보고된 이후 보고되지 않았다. 비브리오 패혈증 환자는 연평균 57.0명, 장염비브리오균 감염증 환자는 80.2명으로 발생한 것으로 알려졌다[3]. 콜레라는 *V. cholerae* 감염에 의해 발생하는 질환으로, 독소를 생성하는 균체항원형은 O1, O27, O37, O139 4가지 종류의 혈청형이 알려져 있으며, 이 중 집단유행을 일으키는 O1과 O139 혈청형 균주에 대해서만 독소 유전자 발현 여부를 확인하고 있다. 주요 증상은 설사와 구토이며, 설사는 종종 쌀뜨물(rice water)과 유사한 형태를 보인다. 감염은 주로 오염된 식수 및 음식 섭취를 통해 이루어진다[4]. 비브리오 패혈증은 *V. vulnificus*에 의해 유발되는 감염병으로 오염된 해산물 또는 피부상처를 통한 균 감염으로 발생한다. 주요 증

상은 발열, 오한, 복통, 설사 및 피부병변이 있으며, 특히 당뇨병, 만성신부전증, 간질환 등 기저질환이 있는 환자에서는 감염 시 사망률이 50% 이상인 것으로 보고되고 있다[5]. 장염비브리오균감염증은 해수에 서식하는 *V. parahaemolyticus*에 의해 발생하는 질병으로 특히 우리나라, 일본, 태국, 라오스 등에서 환자가 보고되고 있다. 장염비브리오균은 우리나라와 일본에서 *Salmonella* 및 *Staphylococcus aureus*와 함께 주요 식중독 원인균으로 검출되고 있으며, 급성복통, 구토, 설사, 혈변 등과 함께 두통, 발열 등이 동반되기도 한다. 감염경로는 주로 오염된 어패류의 섭취이며, 상처 감염 또는 귀 감염을 통해서도 발생할 수 있다[6]. 최근 지구 온난화로 인한 한반도의 해수면 온도 상승 등 해양환경의 변화로 병원성 비브리오균에 의한 식중독 및 패혈증 위험이 증가하고 있어[7], 해양환경 내 병원성 비브리오균에 대한 지속적인 감시 및 해양환경 인자와의 상관관계에 대한 면밀한 모니터링과 분석이 필요하다. 이에 따라 충청권질병대응센터 진단분석과에서는 2024년 3-11월 권역 내 국립검역소와 협력하여 군산, 평택, 대산 등 권역 내 해안 검역구역 내 7개 지점에서 병원성 비브리오균(콜레라균, 비브리오패혈증균, 장염비브리오균) 발생 감시를 수행하였다. 본 원고에서는 2024년 3-11월 기간동안 수행된 충청권 해양환경 내 비브리오균 감시사업을 통해 확인된 병원성 비브리오균 분포와 해양환경인자와의 상관관계 분석 결과를 소개하고자 한다.

방 법

1. 검체채취

충청권역 국립검역소(군산검역소, 평택검역소, 평택검역소 대산지소) 관할 검역구역 내 7개 지점에서 해수 및 하수 검체를 채취하였다. 해수는 수심 1 m 이내에서 멸균 채수병을 이용하여 1 L를 채취하였으며, 하수는 해·하수 합류 지점 중심으로 인근에서 멸균 채수병을 이용하여 1 L를 채취하였다. 채

취 지점은 항만의 대표지점인 조위관측소, 민물의 유입이 많은 내항, 해류의 영향을 받는 외항을 중심으로 선정하였으며, 총 7개 지점(국립군산검역소 3개 지점, 국립평택검역소 2개 지점, 국립평택검역소 대산지소 2개 지점)에서 채취를 실시하였다. 검체 채취는 3월부터 11월까지 월 2회(격주) 실시하여 총 126개의 검체를 수집하였다. 또한, 향후 비브리오균 분포와의 상관관계 분석을 위하여 검체 채취 시 기온, 수온, 염도, 탁도, 수소이온농도(pH) 등 환경지표도 함께 측정하였다.

2. 실험방법

충청권역 7개 지점에서 채취한 해수 및 하수는 0.45 µm 여과지를 사용하여 균체를 수집하였고, 여과지는 펩톤수(alkaline peptone water, pH 8.4 [Oxoid])에 접종하여 증균을 실시하였다. 증균 배양은 37℃에서 6-8시간 정도 수행하였다. 증균 배양액(1 ml)은 100℃에서 10분 동안 가열하여 DNA를 추출하였고, 추출된 DNA를 PowerChek™ Vibrio 4-plex Real-time PCR kit (Kogene Biotech Co.)를 이용하여 실시간 유전자 검출검사(real-time polymerase chain reaction; real-time PCR)를 통해 분석하였다. 증폭 반응은 Fast 7500 Real-time PCR system (Applied Biosystems)을 이용하여 비브리오균 중 특이 유전자(*V. cholerae*-ctx, *V. cholerae*-hlyA, *V. vulnificus*-vvhA, *V. parahaemolyticus*-tlh)의 존재 여부를 1차적으로 검사하였다. PCR 반응 조건은 제조사 지침에 따라 50℃에서 2분 반응 후 95℃에서 10분 반응시킨 뒤, 95℃에서 15초, 60℃에서 1분 반응시킨 것을 1 cycle로 하여 총 40 cycle을 반복하였다. 비브리오균 유전자가 검출된 경우 콜레라균과 비브리오 패혈증균의 분리를 위해 선택배지(Thiosulfate Citrate Bile Sucrose [BD Difco])에 도말하여 노란색 집락과 녹색 집락을 각각 확인한 후에, CHROMagar™ Vibrio (CHROMagar)에 도말하여 *V. cholerae*와 *V. vulnificus*로 추정되는 청록색 집락을 선택하여 1%-NaCl Tryptic Soy Agar [BD Difco]) 배지에 37℃, 18-24시간 동안 배양하였다. 분리

된 균주는 계대배양을 거쳐 생화학 동정(VITEK® 2 Compact VITEK® GN card, bioMérieux)과 분자생물학적 방법(real-time PCR)으로 최종 확인 동정을 실시하였다. 추가로, 콜레라균은 O1 및 O139 항혈청(Joongkyeom)을 이용하여 응집반응을 확인하고, 이를 통해 응집성 콜레라균과 비응집성 콜레라균을 최종 판정하였다.

결 과

1. 충청권역 해양환경 내 병원성 비브리오균 분포 현황

2024년 3월부터 11월까지 충청권역 7개 지점에서 총 126개의 검체를 대상으로 병원성 비브리오균(콜레라균, 비브리오 패혈증균, 장염비브리오균)에 대한 유전자 검출검사를 실시한 결과, 94개(74.6%)의 검체에서 병원성 비브리오균이 검출되었다. 이 중 43개(45.7%)의 검체에서 2종 이상의 비브리오균이 동시에 검출되었다. 검출된 비브리오균으로는 장염비브리오균이 총 126개 검체 중 90개(71.4%)의 검체에서 검출되어 가장 높은 비율을 차지했으며, 비브리오 패혈증균은 41개(32.5%)의 검체, 비응집성 콜레라균은 22개(17.5%)의 검체에서 검출되었다. 유전자 검출검사 결과는 ‘해양환경 내 병원성 비브리오균 감시사업’ 주관기관인 호남권질병대응센터에 보고하였다. 또한 콜레라균과 비브리오 패혈증균이 검출된 검체는 사업 지침에 따라 균 분리·동정 및 자원화 후 유전체 분석 등 추가 분석을 위하여 사업 주관기관으로 균주를

표 1. 2024년 충청권 해양환경 내 병원성 비브리오균 유전자 검출 및 분리 현황

비브리오 균종	유전자 검출 (n=126)	균 분리 (n=126)
비응집성 콜레라균	22 (17.5)	6 (4.8)
비브리오 패혈증균	41 (32.5)	10 (7.9)
장염 비브리오균	90 (71.4)	-

단위: 건(%). -=not available.

이송하였다. 콜레라균과 비브리오 패혈증균은 분리 배양 결과 총 126개 검체 중 콜레라균은 6개(4.8%) 검체에서 분리되었고, 비브리오 패혈증균은 10개(7.9%)의 검체에서 분리되었다(표 1). 지점별로 살펴보면, 병원성 비브리오균이 가장 많

이 분리된 지점은 경포천으로 총 18개의 검체 중 6개의 검체(33.3%)에서 분리되었으며, 가장 적게 분리된 지점은 대산항 관리부두로, 총 18개 검체 모두에서 병원성 비브리오균이 분리되지 않았다(표 2).

표 2. 2024년 충청권 해양환경 내 감시지점별 병원성 비브리오균 분리 현황

구분	지점	균 분리(n=18)
국립군산검역소	경포천	6 (33.3)
	7부두	2 (11.1)
	군산조위소	2 (11.1)
국립평택검역소	동측관리부두	1 (5.6)
	원정리관리부두	2 (11.1)
국립평택검역소 대산지소	삼길포항	1 (5.6)
	대산항관리부두	0 (0.0)

단위: 건(%)

2. 충청권 해양환경 내 병원성 비브리오균 월별 분포 현황

병원성 비브리오균의 월별 유전자 검출률은 6~9월 사이에 높았으며, 특히 9월이 가장 높았다. 군종별로 살펴보면, 비응집성 콜레라균은 9월에 유전자 검출률이 50.0%로 가장 높았으며, 비브리오 패혈증균은 7월에 유전자 검출률이 64.3%로 가장 높았다. 또한, 장염비브리오균은 8월과 9월에 유전자 검출률이 100.0%로 가장 높았다(그림 1A). 콜레라균과 비브리오 패혈증균의 배양을 통한 월별 균 분리율은 유전자 검출

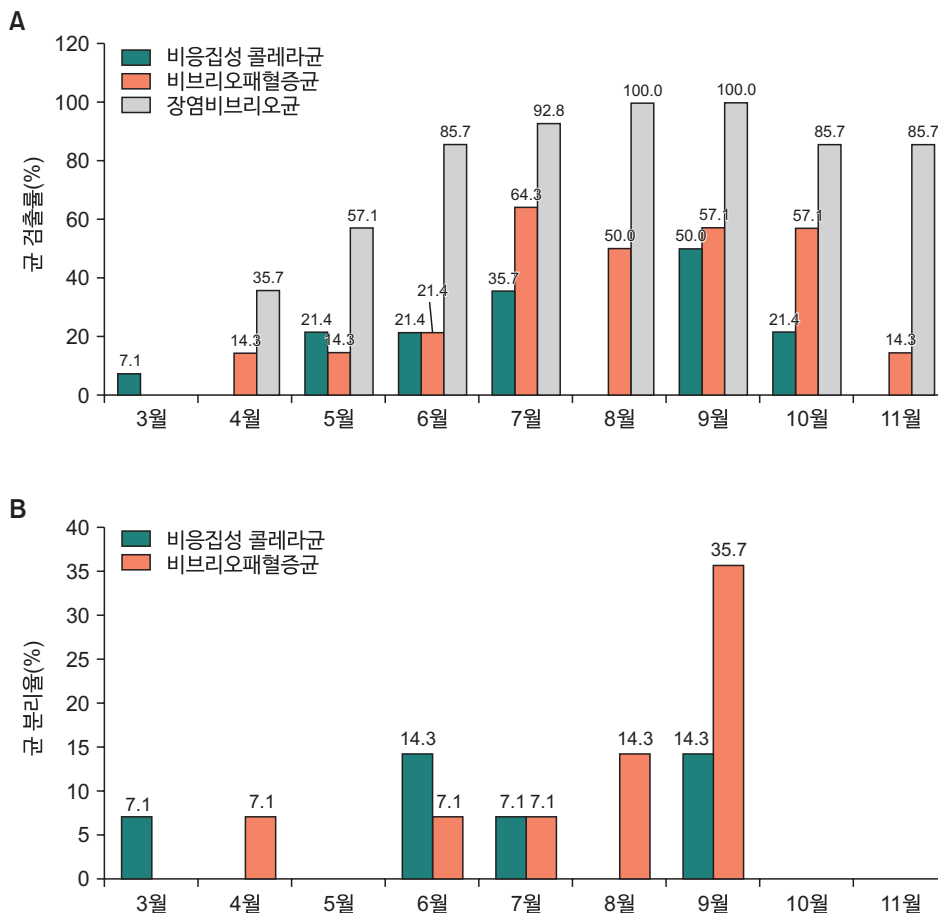


그림 1. 2024년 충청권 해양환경 내 병원성 비브리오균 월별 유전자 검출 및 분리 현황
(A) 병원성 비브리오균 월별 유전자 검출률. (B) 병원성 비브리오균 월별 분리율.

률과 같이 6-9월 사이에 높았다. 특히, 9월에 콜레라균과 비브리오 패혈증균은 각각 14.3%와 35.7%의 배양 분리율을 보여 가장 높은 분리율을 기록하였다. 9월 이후(10-11월)에는 콜레라균과 비브리오 패혈증균은 균 분리가 되지 않았다(그림 1B). 종합적으로, 비응집성 콜레라균과 비브리오 패혈증균은 기온과 수온이 높은 6-9월에는 높은 균 분리율을 보였으며, 기온과 수온이 낮은 3-5월 그리고 10-11월에는 균 분리율이 급격히 감소하거나 분리가 되지 않았다.

3. 해양환경인자와 비브리오균 유전자 검출률과의 상관관계

해양환경인자가 해양환경 내 병원성 비브리오균의 분포 양상에 어떠한 영향을 주는지 분석하기 위해 기온, 수온, 염

도, 탁도, pH를 함께 측정하였다. 기온과 수온은 8월에 각각 27.4℃, 28.4℃로 가장 높았으며, 3월에는 각각 7.5℃와 6.4℃로 가장 낮게 측정되었다. 염도는 8월에 28.8‰로 가장 높고, 7월에 19.5‰로 가장 낮았다. 탁도는 11월에 20.41 FTU로 가장 높았고, 8월에 3.55 FTU로 가장 낮았다. pH는 월별 차이가 크지 않았다(그림 2). 해양환경인자와 병원성 비브리오균 유전자 검출률 간 상관관계 분석 결과 기온(0.674)과 수온(0.751)은 각각 양(+)의 상관관계를 보였으며, 염도(-0.372)와 탁도(-0.330), pH (-0.425)는 음(-)의 상관관계를 보였다. 해양환경인자와 비브리오균 종별 상관관계는 다음과 같았다. 먼저 기온과의 상관관계는 비브리오 패혈증균(0.766)>장염비브리오균(0.751)>비응집성 콜레라균(0.504) 순으로 높았으며, 수온의 경우 장염비브리오균(0.933)>비브

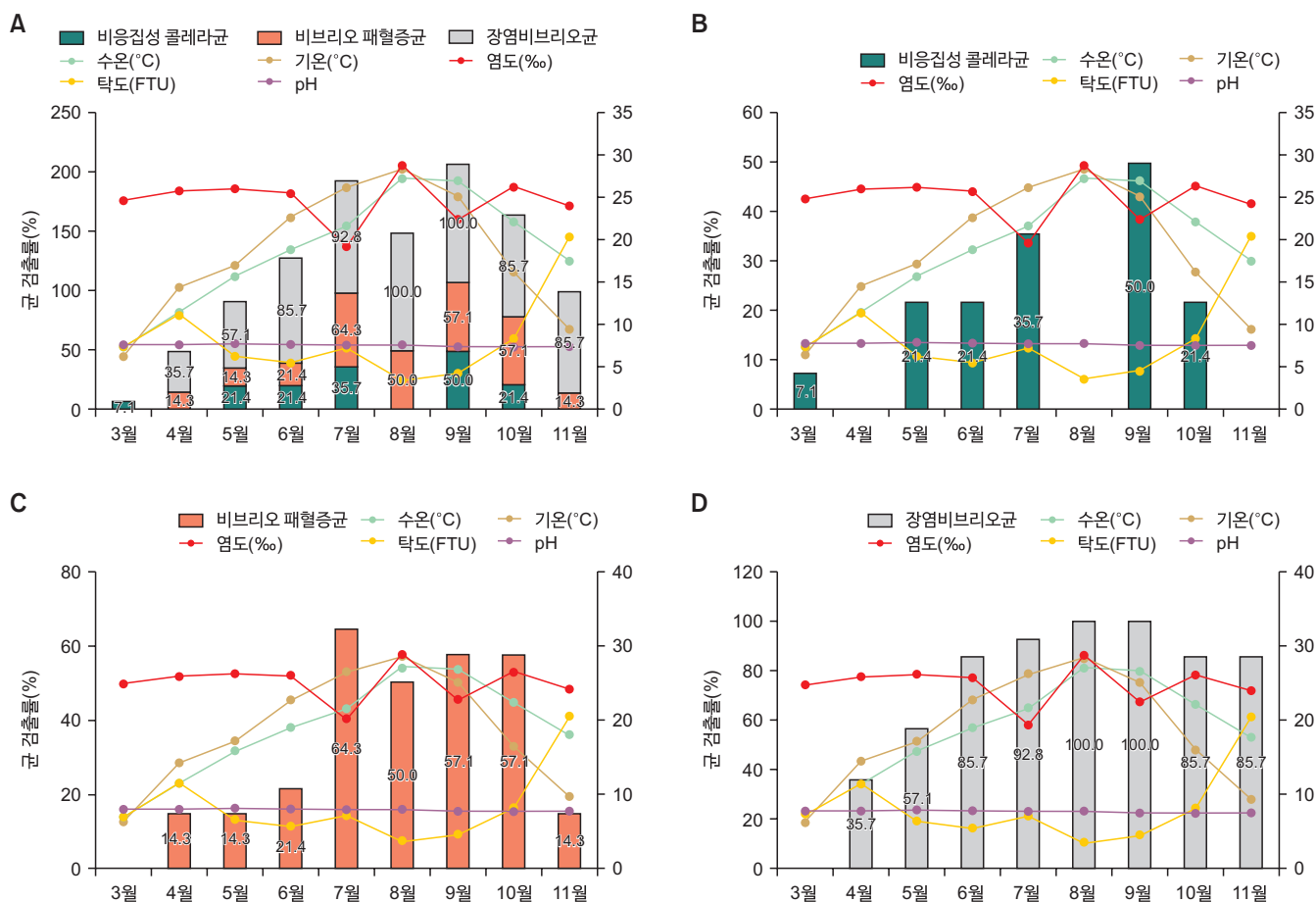


그림 2. 2024년 병원성 비브리오균 검출률 및 해양환경인자의 월별 변화
(A) 병원성 비브리오균. (B) 비응집성 콜레라균. (C) 비브리오 패혈증균. (D) 장염 비브리오균.

리오 패혈증균(0.855)>비응집성 콜레라균(0.466) 순으로 상관관계가 높았다(그림 3).

논 의

본 연구에서는 2024년 3-11월까지 수행된 감시사업을 통해 확인된 충청권역 해양환경 내 병원성 비브리오균의 분포와 해양환경인자와의 상관관계를 분석하였다. 분석 결과, 병원성 비브리오균은 6월에서 9월 사이에 높은 검출률과 분리율을 보였으며, 특히 9월에 가장 높은 분리율을 기록하였다. 이는 병원성 비브리오균의 분포가 계절적 요인, 특히 수온 상승과 밀접한 관련이 있음을 시사한다. 군중별로 살펴보면, 콜레라균과 비브리오 패혈증균 모두 6월부터 분리율이 증가하여 9월에 정점을 찍은 후 감소하는 양상을 보였다. 특히 비브리오 패혈증균은 9월에 35.7%로 가장 높은 분리율을 나타내어, 기온과 수온이 비브리오균의 분포에 중요한 영향을 미친다는 사실을 뒷받침한다. 또한 국내 비브리오균 감염환자 발생 통계를 살펴보면, 최근 3년간(2021-2023년) 연평균 약 50명 내외의 환자가 보고되고 있으며, 대부분 여름철에 집중되었다. 비브리오 패혈증 환자는 2021년 52명, 2022년 46명, 2023년 69명이 발생했으며, 특히 9월에 가장 높은 발생률을 보였다. 이는 기온과 수온이 해양환경 내 병원성 비브리오

오균 발생과 밀접한 관련이 있음을 시사한다[3]. 해양환경 인자와 비브리오균 분포 양상과의 상관관계를 분석한 결과, 기온과 수온은 비브리오균 분리율과 양의 상관관계를 보였으며, 염도, 탁도, pH는 음의 상관관계를 나타냈다. 기존 연구에 따르면 기온과 수온은 병원성 비브리오균의 분포에 중요한 영향을 주는 주요 요인으로 보고되고 있으며, 본 연구 결과도 이를 지지한다[8]. 반면에, 탁도, 염도, pH는 비브리오균 분리율과 상관관계가 적은 것으로 알려져 있다[9]. 비록 2024년 3-5월과 10-11월 충청권 해양 환경 내 병원성 비브리오균 유전자 검출률과 분리율은 6-9월 기간 동안의 유전자 검출률 및 균 분리율과 비교하여 상대적으로 낮았지만, 기후변화에 따른 기온과 수온의 상승으로 인해 이러한 차이는 향후 줄어들 것으로 보인다. 실제로 기상청 기후분석 정보에 따르면[10], 2024년 3월과 4월 우리나라의 평균기온은 6.9℃와 14.9℃로 3월과 4월의 평년(1991-2020년) 기온 6.1℃와 12.1℃에 비해 각각 0.8℃와 2.8℃ 높았다. 또한 2024년 11월의 평균기온은 9.7℃로 9월 평년 기온 7.6℃에 비해 2.1℃ 높았다. 또한 우리나라 근해의 2024년 3월과 4월, 11월의 평균 해수면 온도는 각각 11.1℃, 14℃와 19.6℃로 최근 10년 평균 10.9℃와 12.7℃ 그리고 17.3℃보다 각각 0.2℃와 1.3℃ 그리고 2.3℃ 높았다. 이와 같은 결과는 국내 해양환경에서의 병원성 비브리오균이 발생할 수 있는 계절적 경계가 변화되고 있음을 시사한다.

기후변화의 영향으로 기온과 수온이 과거에 비해 점차 상승하고 있어, 충청권 해양환경 내 병원성 비브리오균의 발생 가능성은 점차 증가할 것으로 예측된다. 이에 따라 해양환경에서의 병원성 비브리오균 발생 조기 인지 및 감염 예방을 위해 감시기간을 연장하고 감시지점을 확대하는 등 감시체계 강화를 위한 지속적이고 체계적인 노력이 이루어져야 할 것이다.

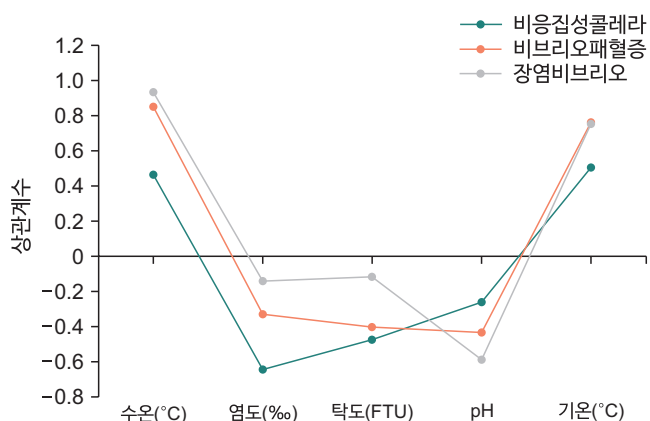


그림 3. 2024년 충청권 병원성 비브리오균 검출률과 해양환경인자와의 상관관계

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: This study was supported by intramural funds (grant No. 6300-6332-304) from the KDCA.

Acknowledgments: We would like to thank 3 National Quarantine Stations (Gunsan National Quarantine Station, Pyeongtaek National Quarantine Station, Daesan Branch Office Pyeongtaek National Quarantine Station).

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: DGL. Data curation: DGL. Formal analysis: DGL. Investigation: DGL. Methodology: DGL. Supervision: JHJ. Writing – original draft: DGL. Writing – review & editing: JHJ, YSY.

References

1. Cho ED, Park KS. Distribution of pathogenic *Vibrio* species in seawater in Gomso Bay and Byeonsan, west coast of Korea. Korean J Fish Aquat Sci 2019;52:625-30.
2. Park S, Jang HJ, Park S, et al. Distribution of virulence genes and antibiotic resistance in *Vibrio* strains isolated from aquarium water. Korean J Food Sci Technol 2024;56:403-10.
3. The average annual number of patients with *Vibrio vulnificus* sepsis or *V. parahaemolyticus* infection from 2020 to 2024 [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2025 [cited 2025 Apr 15]. Available from: <https://dportal.kdca.go.kr/pot/is/summaryEDW.do>
4. Lee DY, Nam JH. Cholera and characteristics of *V. Cholerae* isolated in Korea. Public Health Wkly Rep 2013;6:445-51.
5. Park KS, Cho ED, Kim HD. Profiles of virulence genes and antimicrobial resistance of *Vibrio vulnificus* strains isolated from seawater and fisheries. Korean J Fish Aquat Sci 2021;54:918-26.
6. Lee H, Oh YH, Park SG, Choi SM. Antibiotic susceptibility and distribution of *Vibrio Parahaemolyticus* isolated from the seafood. J Environ Health Sci 2007;33:16-20.
7. Brumfield KD, Chen AJ, Gangwar M, et al. Environmental factors influencing occurrence of *Vibrio parahaemolyticus* and *Vibrio vulnificus*. Appl Environ Microbiol 2023;89:e0030723.
8. Oh HK, Jeong HJ, Kim YM. Distribution and molecular characteristics of *Vibrio vulnificus* isolated from seawater along the Gadeok Island coast. Korean J Fish Aquat Sci 2020;53:688-93.
9. Velez KEC, Leighton RE, Decho AW, Pinckney JL, Norman RS. Modeling pH and temperature effects as climatic hazards in *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* planktonic growth and biofilm formation. Geohealth 2023;7:e2022GH000769.
10. Climate analysis information [Internet]. Korea Meteorological Administration; 2025 [cited 2025 Jun 17]. Available from: https://www.kma.go.kr/kma/archive/pub.jsp?field1=grp&text1=ellinonewsle&field2=grp&text2=marine#gal_cate6

Surveillance Report

Analysis of the Occurrence of Pathogenic *Vibrio* spp. and Their Correlation with Environmental Factors in the Marine Ecosystem of the Chungcheong Region

Dong Geun Lee , Youngsil Yoon , Jun Ho Jeon* 

Division of Laboratory Diagnosis and Analysis, Chungcheong Regional Center for Disease Control and Prevention, Korea Disease Control and Prevention Agency, Daejeon, Korea

ABSTRACT

Objectives: Pathogenic *Vibrio* spp. are causative agents for waterborne and foodborne diseases. Since 2021, the Division of Laboratory Diagnosis Analysis of the Chungcheong Regional Center for Disease Control and Prevention has been conducting a surveillance project in collaboration with regional quarantine offices in the Chungcheong area to analyze the correlation between these pathogens and environmental factors in the marine ecosystem of the Chungcheong region.

Methods: A total of 126 seawater samples were collected from seven sites, and pathogenic *Vibrio* spp. were identified through bacterial culture, molecular, and biochemical testing.

Results: Gene detection tests revealed *Vibrio parahaemolyticus* to be the highest (71.4%), followed by *Vibrio vulnificus* (32.5%) and non-O1/non-O139 *Vibrio cholerae* (17.5%). Bacterial culture isolated *V. vulnificus* and non-O1/non-O139 *V. cholerae* at 7.9% and 4.8% detection rates, respectively. Analysis of the correlation between marine environmental factors and the detection rate of pathogenic *Vibrio* spp. revealed a positive correlation with seawater temperature showing a correlation coefficient of 0.751 and air temperature of 0.674, indicating a strong correlation with *Vibrio* detection rates.

Conclusions: Climatic change increases sea surface temperatures that facilitate the growth of *Vibrio* spp. in the marine ecosystem. For public health concerns, growth of pathogenic *Vibrio* spp. should be continuously monitored in the marine ecosystem of the Chungcheong region.

Key words: *Vibrio cholerae*; *Vibrio vulnificus*; *Vibrio parahaemolyticus*; Environmental monitoring

*Corresponding author: Jun Ho Jeon, Tel: +82-42-257-9435, E-mail: jhjeon78@korea.kr

Introduction

The *Vibrio* genus comprises Gram-negative, heterotrophic bacilli found in marine ecosystem, including both seawater and freshwater. To date, more than 100 *Vibrio* species have

been identified, of which 12, including *Vibrio cholerae*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio mimicus*, *Vibrio fluvialis*, and *Vibrio holisae*, are recognized as pathogenic and capable of causing infections in humans. These infections typically occur through the consumption of contaminated seafood

Key messages

① What is known previously?

Pathogenic *Vibrio* spp. are Gram-negative rod-shaped bacteria belonging to the genus *Vibrio*, which are commonly found in freshwater and marine ecosystems. They are major causative agents of infectious diseases and are transmitted through contaminated seawater and seafood.

② What new information is presented?

Vibrio spp. in the Chungcheong region were primarily detected from June to September, with particularly high detection rates observed in September because of the prolonged summer caused by abnormal climatic conditions. In addition, the detection rates showed a strong positive correlation with increasing water and air temperatures.

③ What are implications?

With recent rapid climate change leading to increased air and sea temperatures, the distribution patterns of pathogenic *Vibrio* spp. in marine ecosystems are expected to shift. This may lead to a higher likelihood of *Vibrio*-related infections, emphasizing the need for constant surveillance.

or via wound exposure, with clinical symptoms such as fever, chills, abdominal pain, diarrhea, and skin lesions [1,2]. In the Republic of Korea (ROK), the main pathogenic *Vibrio* infections are cholera (Class 2 communicable disease), vibriosis (Class 3), and *V. parahaemolyticus* infection (Class 4), caused by *V. cholerae*, *V. vulnificus*, and *V. parahaemolyticus*, respectively. Between 2020 and 2024, the average annual number of patients with pathogenic *Vibrio* infections in ROK was 45.7. Notably, no cholera cases have been reported since the last outbreak in 2001. The average number of reported cases per year during this period was 57.0 for vibriosis and 80.2 for *V. parahaemolyticus* infection [3]. Cholera is a disease caused

by *V. cholerae*. Although four toxigenic serogroups are known (O1, O27, O37, and O139), only the O1 and O139 strains, associated with large-scale outbreaks, are currently screened for toxin gene expression. The primary symptoms include diarrhea and vomiting, with the diarrhea often described as “rice-water stool.” Transmission mainly occurs through the ingestion of contaminated water or food [4]. Vibriosis is an infectious disease caused by *V. vulnificus*, typically transmitted through the consumption of contaminated seafood or via infection of skin wounds. Key symptoms include fever, chills, abdominal pain, diarrhea, and skin lesions. Notably, the mortality rate exceeds 50% in patients with underlying conditions such as diabetes, chronic renal failure, and liver disease [5]. *Vibrio parahaemolyticus* infection is caused by *V. parahaemolyticus*, a species commonly found in seawater, with cases reported particularly in countries such as ROK, Japan, Thailand, and Laos. In ROK and Japan, *V. parahaemolyticus* is frequently identified as a major cause of food poisoning, alongside *Salmonella* and *Staphylococcus aureus*. Clinical symptoms may include headache and fever in addition to acute abdominal pain, vomiting, diarrhea, and bloody stools. While the primary route of infection is through the consumption of contaminated seafood, transmission can also occur through wound or ear infections [6]. Recent changes in the marine ecosystem, such as rising sea surface temperatures around the Korean Peninsula due to global warming, have increased the risk of food poisoning and sepsis from pathogenic *Vibrio* species [7]. These developments underscore the need for ongoing surveillance and detailed analysis of the relationship between *Vibrio* infections and environmental factors. Accordingly, from March to November 2024, the Division of Diagnostic Analysis at the Chungcheong Regional Center for Disease Control and

Response, in collaboration with regional National Quarantine Stations, conducted surveillance of pathogenic *Vibrio* species (*V. cholerae*, *V. vulnificus*, and *V. parahaemolyticus*) at seven coastal quarantine sites, including Gunsan, Pyeongtaek, and Daesan. This paper presents the distribution of pathogenic *Vibrio* species and the results of a correlation analysis with marine environmental factors, based on this surveillance project carried out in the Chungcheong marine ecosystem during March–November 2024.

Methods

1. Sample Collection

Seawater and sewage samples were collected from seven sites within quarantine areas managed by the National Quarantine Stations in the Chungcheong region (Gunsan, Pyeongtaek, and the Daesan branch of the Pyeongtaek station). One liter of seawater was collected from a depth of less than 1 meter using sterile bottles, and 1 L of sewage was collected from areas near the confluence of seawater and sewage. Sampling sites were selected based on key port locations, including tidal observation stations, inner harbors with substantial freshwater inflow, and outer harbors influenced by ocean currents. A total of seven sites were included: three under the jurisdiction of the Gunsan National Quarantine Station, two under the Pyeongtaek National Quarantine Station, and two under its Daesan branch. Samples were collected bi-weekly from March to November, yielding a total of 126 samples. At the time of collection, environmental parameters such as air temperature, water temperature, salinity, turbidity, and pH were measured to enable correlation analysis with *Vibrio* distribution.

2. Laboratory Methods

For seawater and sewage samples collected from the seven sites, bacterial cells were concentrated using 0.45 µm filter paper. The filters were then inoculated into Alkaline Peptone Water (pH 8.4; Oxoid) for enrichment. Enrichment was carried out at 37°C for 6–8 hours. DNA was extracted by heating 1 ml of the enrichment broth at 100°C for 10 minutes. The extracted DNA was then analyzed using real-time polymerase chain reaction (real-time PCR) with the PowerChek™ *Vibrio* 4-plex Real-time PCR kit (Kogene Biotech Co.). PCR amplification was performed on a Fast 7500 Real-time PCR System (Applied Biosystems) to screen for species-specific *Vibrio* genes (ctx and hlyA for *V. cholerae*; vvhA for *V. vulnificus*; and tlh for *V. parahaemolyticus*). The PCR cycling conditions followed the manufacturer's instructions: an initial hold at 50°C for 2 minutes, followed by 95°C for 10 minutes, and then 40 cycles of 95°C for 15 seconds and 60°C for 1 minute. If *Vibrio* genes were detected, the sample was streaked onto Thiosulfate Citrate Bile Salts Sucrose agar (BD Difco) to isolate *V. cholerae* and *V. vulnificus*, identified by yellow and green colonies, respectively. Samples were also streaked onto CHROMagar™ *Vibrio* (CHROMagar), and bluish-green colonies presumed to be *V. cholerae* or *V. vulnificus* were selected and cultured on 1% NaCl Tryptic Soy Agar (BD Difco) at 37°C for 18–24 hours. The isolated strains were subcultured and definitively identified using biochemical tests (VITEK® 2 Compact with VITEK® GN card; bioMérieux) and molecular methods (real-time PCR). Additionally, *V. cholerae* isolates were tested for agglutination using O1 and O139 antisera (Joongkyeom) to determine their classification as either agglutinating or non-agglutinating *V. cholerae*.

Results

1. Distribution of Pathogenic *Vibrio* Species in the Chungcheong Marine Ecosystem

From March to November 2024, a total of 126 samples were collected from seven sites in the Chungcheong region and tested for pathogenic *Vibrio* species (*V. cholerae*, *V. vulnificus*, and *V. parahaemolyticus*) using genetic screening. Pathogenic *Vibrio* species were detected in 94 samples (74.6%). Among these positive samples, 43 (45.7%) contained two or more *Vibrio* species simultaneously. Of the detected pathogens, *V. parahaemolyticus* was the most prevalent, identified in 90 of the 126 samples (71.4%), followed by *V. vulnificus* in 41 samples (32.5%) and non-agglutinating *V. cholerae* in 22 samples (17.5%). The results of the genetic screening were reported to the Honam Regional Center for Disease Control and Response, the lead agency for the “Pathogenic *Vibrio* in the Marine Ecosystem Surveillance Program.” In accordance with program guidelines, samples that tested positive for *V. cholerae* or *V. vulnificus* underwent bacterial isolation and identification. The resulting isolates were submitted to the lead agency for resource banking and further analysis, including genomic sequencing. Through culture-based isolation, *V. cholerae* was isolated from 6 of the

126 samples (4.8%), and *V. vulnificus* from 10 samples (7.9%) (Table 1). By sampling site, the highest number of pathogenic *Vibrio* isolates was obtained from Gyeongpocheon Stream, with 6 isolates from 18 samples (33.3%), while the lowest was from the Daesan Port Management Pier, where no pathogenic *Vibrio* isolates were obtained from the 18 samples collected (Table 2).

2. Monthly Distribution of Pathogenic *Vibrio* Species in the Chungcheong Marine Ecosystem

The monthly gene detection rate for pathogenic *Vibrio* species was elevated between June and September, peaking in September. By species, the detection rate for non-agglutinating *V. cholerae* was highest in September (50.0%), while *V. vulnificus* peaked in July (64.3%). The detection rate for *V. parahaemolyticus* reached 100.0% in both August and

Table 1. Status of specific gene detection and isolation of pathogenic *Vibrio* spp. in the marine environment of Chungcheong region in 2024

<i>Vibrio</i> spp.	Multiplex-PCR (n=126)	Colony isolation (n=126)
<i>Vibrio cholerae</i>	22 (17.5)	6 (4.8)
<i>Vibrio vulnificus</i>	41 (32.5)	10 (7.9)
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	90 (71.4)	-

Values are presented as number (%). PCR=polymerase chain reaction; -=not available.

Table 2. Status of pathogenic *Vibrio* spp. isolated by surveillance site in the marine environment of the Chungcheong region in 2024

Institution	Site	Colony isolation (n=18)
National Gunsan Quarantine Station	Gyeongpocheon	6 (33.3)
	Pire 7, Gunsan Port	2 (11.1)
	Gunsan Tide Gauge Station	2 (11.1)
National Pyeongtaek Quarantine Station	East Side Management Wharf	1 (5.6)
	Wonjeong-ri Management Wharf	2 (11.1)
Daesan Branch, National Pyeongtaek Quarantine Station	Samgilpo Port	1 (5.6)
	Daesan Port Management Wharf	0 (0.0)

Values are presented as number (%).

September (Figure 1A). Consistent with gene detection results, the monthly culture-based isolation rates for *V. cholerae* and *V. vulnificus* were also high during the June-September period. Notably, in September, *V. cholerae* and *V. vulnificus* showed their highest isolation rates, 14.3% and 35.7%, respectively. From October to November, neither *V. cholerae* nor *V. vulnificus* was isolated (Figure 1B). In summary, non-agglutinating *V. cholerae* and *V. vulnificus* exhibited high isolation rates from June to September, coinciding with elevated air and water temperatures, while their isolation rates declined sharply or dropped to zero during the colder months of March–May and October–November.

3. Correlation between Marine Environmental Factors and *Vibrio* Gene Detection Rates

To assess the influence of marine environmental factors on the distribution of pathogenic *Vibrio* species, measurements of air temperature, water temperature, salinity, turbidity, and pH were conducted at the time of sampling. Air and water temperatures were highest in August (27.4°C and 28.4°C, respectively) and lowest in March (7.5°C and 6.4°C, respectively). Salinity peaked in August (28.8‰) and was lowest in July (19.5‰). Turbidity was highest in November (20.41 FTU) and lowest in August (3.55 FTU). pH values showed minimal monthly variation (Figure 2). Correlation analysis between environmental factors and the overall gene detection rate for pathogenic *Vibrio* species revealed positive correlations with air

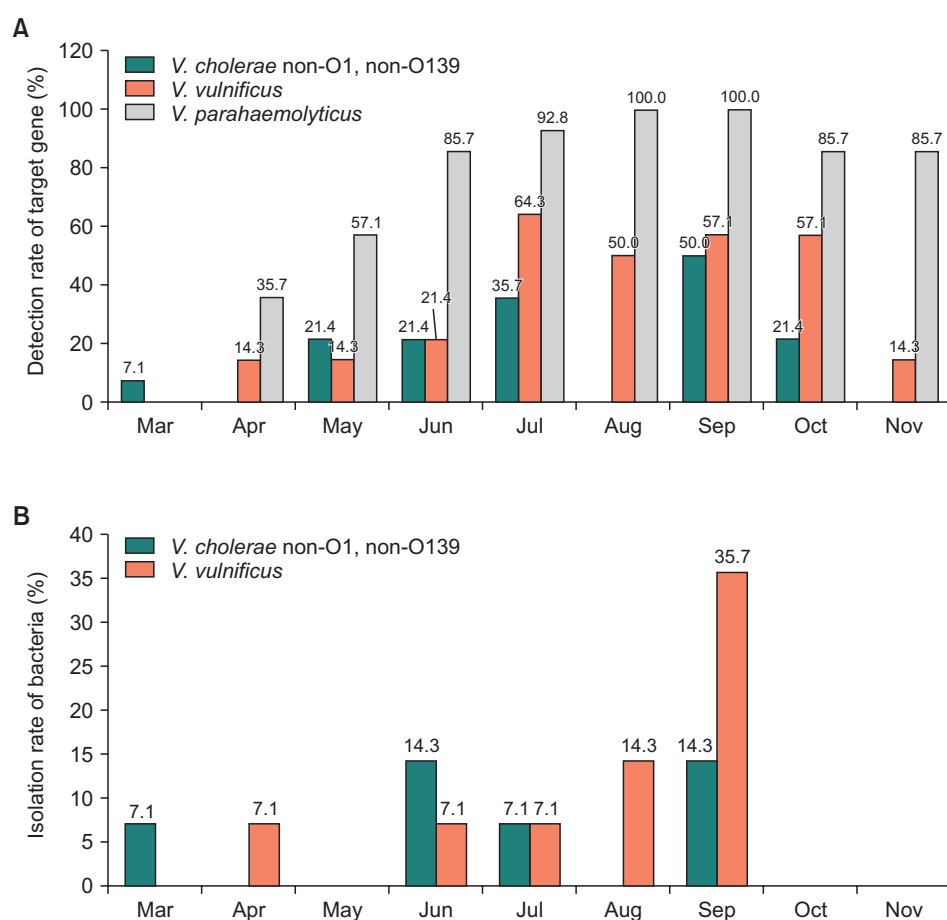


Figure 1. Monthly genetic detection and isolation of pathogenic *Vibrio* spp. in the marine environment of the Chungcheong region in 2024 (A) Genetic detection. (B) Colony isolation.

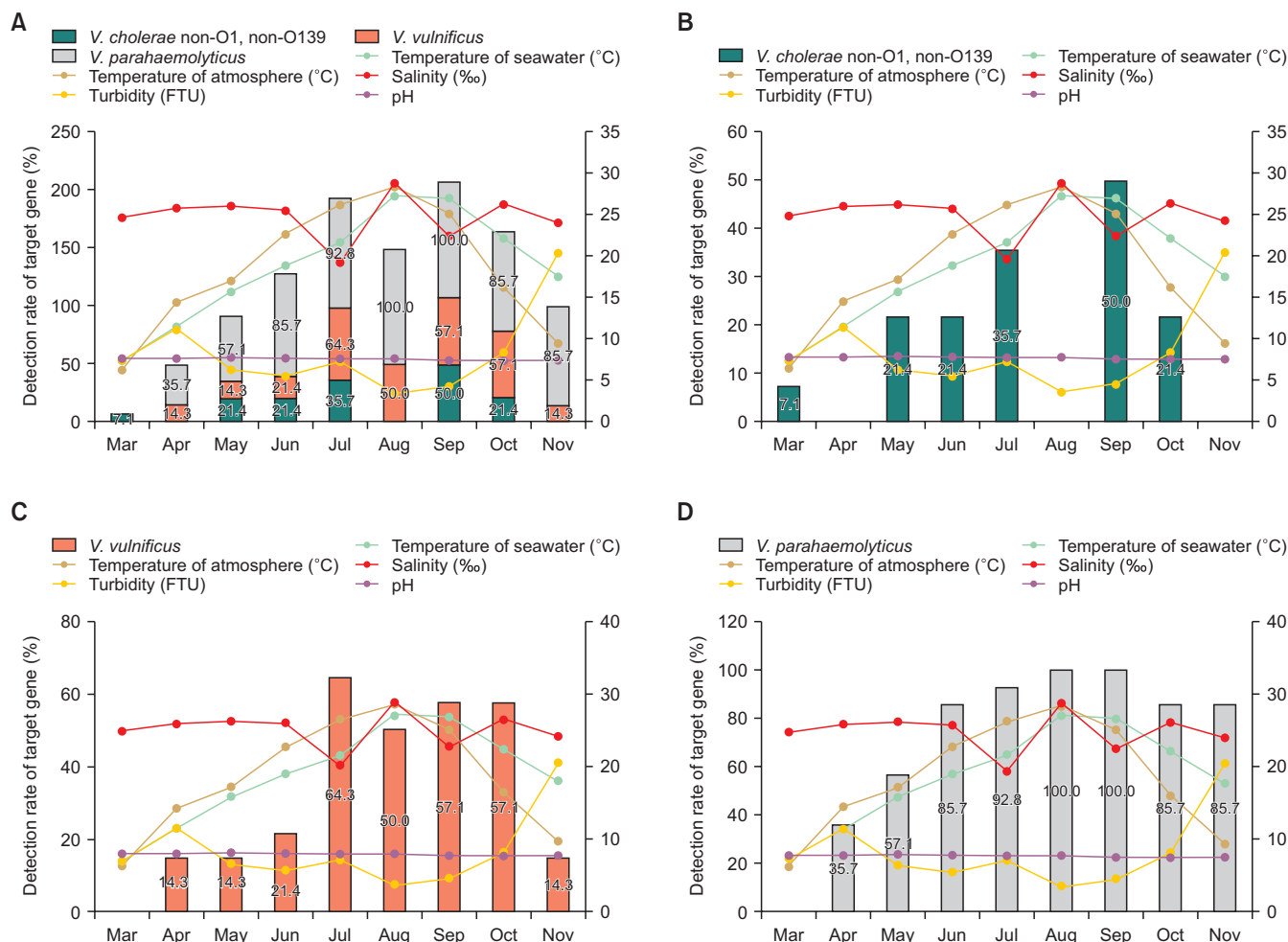


Figure 2. Monthly trends in the detection rates of pathogenic *Vibrio* spp. and associated marine environmental parameters in 2024

(A) Total pathogenic *Vibrio* spp. (B) *Vibrio cholerae* non-O1/non-O139. (C) *Vibrio vulnificus*. (D) *Vibrio parahaemolyticus*.

temperature ($r=0.674$) and water temperature ($r=0.751$), and negative correlations with salinity ($r=-0.372$), turbidity ($r=-0.330$), and pH ($r=-0.425$). Species-specific correlation analysis showed that air temperature was most strongly correlated with *V. vulnificus* ($r=0.766$), followed by *V. parahaemolyticus* ($r=0.751$), and non-agglutinating *V. cholerae* ($r=0.504$). For water temperature, the strongest correlation was with *V. parahaemolyticus* ($r=0.933$), followed by *V. vulnificus* ($r=0.855$), and non-agglutinating *V. cholerae* ($r=0.466$) (Figure 3).

Discussion

In this study, we analyzed the distribution of pathogenic *Vibrio* species in the marine ecosystem of the Chungcheong region and examined their correlation with environmental factors, based on surveillance conducted from March to November 2024. The findings revealed high detection and isolation rates of pathogenic *Vibrio* species between June and September, with the highest isolation rate observed in September. These results suggest that the distribution of pathogenic *Vibrio* is closely linked to seasonal variations,

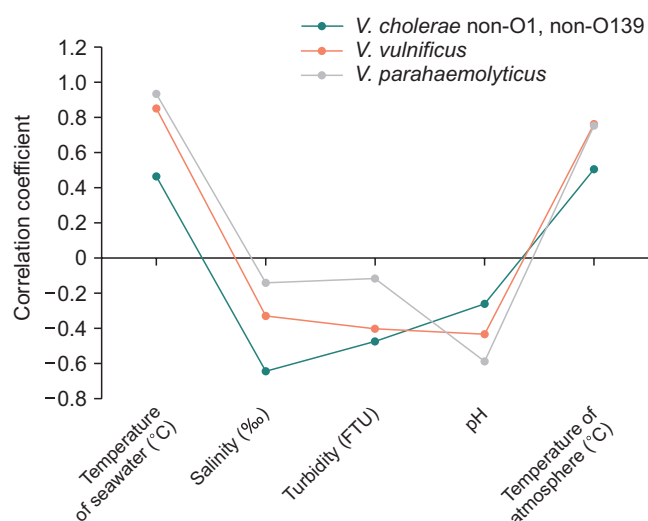


Figure 3. Association between the detection rates of pathogenic *Vibrio* spp. and marine environmental variables in the Chungcheong region during 2024

particularly rising water temperatures. By species, both *V. cholerae* and *V. vulnificus* exhibited increasing isolation rates beginning in June, peaking in September, and declining thereafter. Notably, *V. vulnificus* reached its highest isolation rate in September (35.7%), highlighting the significant influence of air and water temperatures on *Vibrio* distribution. National *Vibrio* infection statistics similarly support this trend, with an average of approximately 50 cases reported annually over the past 3 years (2021–2023), the majority occurring during the summer. Specifically, 52, 46, and 69 cases of vibriosis were reported in 2021, 2022, and 2023, respectively, with September showing the highest incidence. These data reinforce the association between elevated temperatures and the occurrence of pathogenic *Vibrio* in the marine ecosystem [3]. Correlation analysis between environmental factors and *Vibrio* distribution patterns revealed positive correlations between isolation rates and both air and water temperatures, while salinity, turbidity, and pH showed negative correlations. These findings align with previous studies that have identified

air and water temperature as key factors significantly affecting the distribution of pathogenic *Vibrio* species [8]. In contrast, turbidity, salinity, and pH have been shown to have weaker correlations with *Vibrio* isolation rates [9]. Although the gene detection and isolation rates of pathogenic *Vibrio* in the Chungcheong marine ecosystem were relatively low during March–May and October–November 2024 compared to the June–September period, this seasonal gap is expected to narrow in the future due to rising air and sea temperatures associated with climate change. According to climate analysis data from the Korea Meteorological Administration [10], the average air temperatures in ROK for March and April 2024 were 6.9°C and 14.9°C, which were 0.8°C and 2.8°C higher, respectively, than the 1991–2020 baseline averages of 6.1°C and 12.1°C. In November 2024, the average air temperature was 9.7°C, 2.1°C higher than the baseline average of 7.6°C for that month. Similarly, the average sea surface temperatures in Korean coastal waters for March, April, and November 2024 were 11.1°C, 14.0°C, and 19.6°C, respectively. These were 0.2°C, 1.3°C, and 2.3°C higher than the recent 10-year averages of 10.9°C, 12.7°C, and 17.3°C. These findings suggest a shift in the seasonal boundaries for the potential occurrence of pathogenic *Vibrio* in ROK’s marine ecosystem.

As climate change continues to drive progressively higher air and water temperatures compared to historical levels, the potential for the occurrence of pathogenic *Vibrio* in the Chungcheong marine ecosystem is expected to increase. Therefore, continuous and systematic efforts are required to strengthen the surveillance system, such as extending surveillance periods and expanding monitoring sites, enabling early detection of pathogenic *Vibrio* in the marine ecosystem and helping prevent related infections.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: This study was supported by intramural funds (grant No. 6300-6332-304) from the KDCA.

Acknowledgments: We would like to thank 3 National Quarantine Stations (Gunsan National Quarantine Station, Pyeongtaek National Quarantine Station, Daesan Branch Office Pyeongtaek National Quarantine Station).

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: DGL. Data curation: DGL. Formal analysis: DGL. Investigation: DGL. Methodology: DGL. Supervision: JHJ. Writing – original draft: DGL. Writing – review & editing: JHJ, YSY.

References

1. Cho ED, Park KS. Distribution of pathogenic *Vibrio* species in seawater in Gomso Bay and Byeonsan, west coast of Korea. Korean J Fish Aquat Sci 2019;52:625-30.
2. Park S, Jang HJ, Park S, et al. Distribution of virulence genes and antibiotic resistance in *Vibrio* strains isolated from aquarium water. Korean J Food Sci Technol 2024;56:403-10.
3. The average annual number of patients with *Vibrio vulnificus* sepsis or *V. parahaemolyticus* infection from 2020 to 2024 [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2025 [cited 2025 Apr 15]. Available from: <https://dportal.kdca.go.kr/pot/is/summaryEDW.do>
4. Lee DY, Nam JH. Cholera and characteristics of *V. Cholerae* isolated in Korea. Public Health Wkly Rep 2013;6:445-51.
5. Park KS, Cho ED, Kim HD. Profiles of virulence genes and antimicrobial resistance of *Vibrio vulnificus* strains isolated from seawater and fisheries. Korean J Fish Aquat Sci 2021;54:918-26.
6. Lee H, Oh YH, Park SG, Choi SM. Antibiotic susceptibility and distribution of *Vibrio Parahaemolyticus* isolated from the seafood. J Environ Health Sci 2007;33:16-20.
7. Brumfield KD, Chen AJ, Gangwar M, et al. Environmental factors influencing occurrence of *Vibrio parahaemolyticus* and *Vibrio vulnificus*. Appl Environ Microbiol 2023;89:e0030723.
8. Oh HK, Jeong HJ, Kim YM. Distribution and molecular characteristics of *Vibrio vulnificus* isolated from seawater along the Gadeok Island coast. Korean J Fish Aquat Sci 2020;53:688-93.
9. Velez KEC, Leighton RE, Decho AW, Pinckney JL, Norman RS. Modeling pH and temperature effects as climatic hazards in *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* planktonic growth and biofilm formation. Geohealth 2023;7:e2022GH000769.
10. Climate analysis information [Internet]. Korea Meteorological Administration; 2025 [cited 2025 Jun 17]. Available from: https://www.kma.go.kr/kma/archive/pub.jsp?field1=grp&text1=ellinonewsle&field2=grp&text2=marine#gal_cate6

청소년 현재 음주율 추이, 2015-2024년

최근 30일 동안 1잔 이상 술을 마신 청소년은 2024년 남학생 11.8%로 전년대비 1.2%p 감소하였고, 여학생 7.5%로 전년대비 1.5%p 감소하였다(그림 1). 현재 음주율은 고등학생이 중학생보다 약 3배 정도 높았다(그림 2).

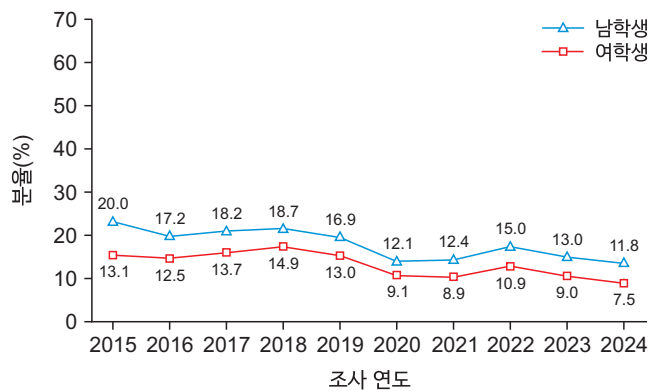


그림 1. 성별 현재 음주율 추이, 2015-2024년

*현재 음주율: 최근 30일 동안 1잔 이상 술을 마신 적이 있는 사람의 비율

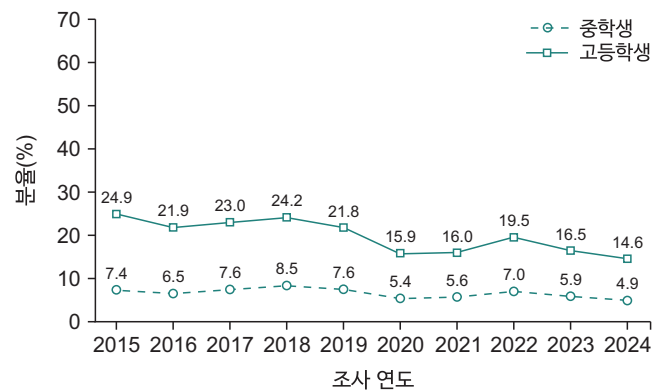


그림 2. 학교급별 현재 음주율 추이, 2015-2024년

출처: 제20차(2024년) 청소년건강행태조사 통계, <https://www.kdca.go.kr/yhs/>

작성자: 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과 홍혜수

QuickStats

Trends in the Prevalence of Current Drinking among Korean Adolescents, 2015–2024

In 2024, the prevalence of adolescents who drank 1 glass or more of alcohol for the recent 30 days was 11.8% among boys, showing a decrease of 1.2 percentage points from the previous year, and 7.5% among girls, a decrease of 1.5 percentage points (Figure 1). The data indicated that high school students had a drinking rate approximately three times higher than middle school students (Figure 2).

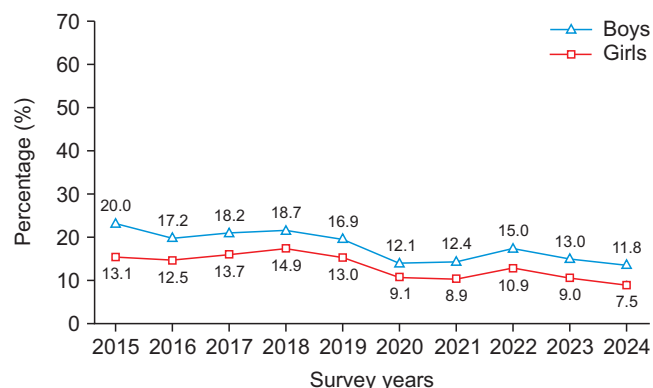


Figure 1. Trends in prevalence of current drinking by gender, 2015–2024

*Prevalence of current drinking: proportion of people who drank 1 glass or more of alcohol for the recent 30 days.

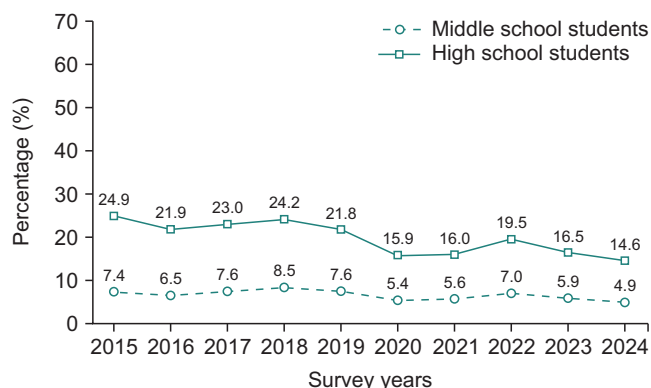


Figure 2. Trends in prevalence of current drinking by school levels, 2015–2024

Source: The 20th Korea Youth Risk Behavior Survey 2024 (KYRBS), <https://www.kdca.go.kr/yhs/>

Reported by: Hye Su Hong , Division of Health and Nutrition Survey and Analysis, Department of Chronic Disease Prevention and Control, Korea Disease Control and Prevention Agency