eISSN 2586-0860

주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 18, No. 45, November 20, 2025

Content

조사/감시 보고

1779 열대집모기(*Culex quinquefasciatus*) 확인에 따른 매개모기 감시 필요성

1790 2022–2024년 국내 설사환자에서 분리된 살모넬라균의 혈청형 분석

리뷰와 전망

1813 신종 감염병 원인병원체 규명을 위한 PCR 기반 검사법 소개

질병 통계

1833 청소년 신체활동 실천율 추이, 2015–2024년

KDCA
Korea Disease Control and Prevention Agency

PHWR
Public Health Weekly Report

eISSN 2586-0860
Vol. 18, No. 45, November 20, 2025

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 11월 20일
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.

편집위원회 2024년 7월~2027년 7월

PHWR Public Health Weekly Report
eISSN 2586-0860

편집위원장

최보율
한양대학교 의과대학

부편집위원장

곽진
전북대학교 의과대학

류소연
조선대학교 의과대학

박지혁
동국대학교 의과대학

손현진
동아대학교 의과대학

염준섭
연세대학교 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
동작구 건강관리청

이선희
부산대학교 의과대학

이윤환
아주대학교 의과대학

이재갑
한림대학교 의과대학

이혁민
연세대학교 의과대학

이형민
질병관리청

전경만
삼성서울병원

정은옥
건국대학교 이과대학

정재훈
고려대학교 보건대학원

최선화
국가수리과학연구소

최원석
고려대학교 의과대학

최은화
서울대학교어린이병원

허미나
건국대학교 의과대학

사무국

김시우
질병관리청

김재홍
질병관리청

박희빈
질병관리청

이은영
질병관리청

이희재
질병관리청

원고편집인

조소연
(주)메드랑

조사/감시 보고
eISSN 2586-0860
https://doi.org/10.56786/PHWR.2025.18.45.1

PHWR Public Health Weekly Report

열대집모기(*Culex quinquefasciatus*) 확인에 따른 매개모기 감시 필요성

권지영[1], 윤보람[1], 김기훈[1], 오현석[1], 주정원[1], 임진숙[2], 박재현[2], 이창준[2], 이욱교[3], 설재욱[3], 윤영민[4], 김지로[5], 김경록[5], 이태규[5], 이희일[1]*

[1]질병관리청 진단분석국 매개체분석과, [2]제주보건환경연구원 감염병검사과, [3]질병관리청 호남권질병대응센터 진단분석과, [4]제주대학교 수의학과, [5]제주한라대학교 임상병리과

초 록

목적: 본 연구는 기후변화로 인한 아열대성 매개모기의 국내 토착화 및 북상 가능성이 증가함에 따라, 아열대 기후와 외부 유입 관문인 제주지역 집중조사를 통해 매개모기의 유입 여부를 조사하고 공중보건학적 의미를 평가하고자 수행되었다.

방법: 2025년 7월, 제주보건환경연구원, 호남권질병대응센터, 제주대학교, 제주한라대학교와 협력하여 제주 지역 47개 지점에서 이산화탄소 유인제(BG-Sentinel traps)를 사용하여 성충 모기를 채집하였다. 채집된 모기 중 형태학적으로 빨간집모기군(*Culex pipiens* complex)으로 분류된 147개체를 대상으로 유전자 분석을 수행하여 종 동정을 실시하였다. 또한, 확인된 개체에 대해 일본뇌염바이러스, 웨스트나일바이러스, 지카바이러스, 뎅기바이러스, 치쿤구니야바이러스, 황열바이러스 등 주요 모기매개바이러스의 감염 여부를 조사하였다.

결과: 열대집모기(*Cx. quinquefasciatus*)는 빨간집모기군과 형태학적으로 매우 유사하여 외부 형태만으로는 구분이 어렵고, cytochrome c oxidase subunit I 마커만으로는 명확한 종 구분이 불가능하였다. 따라서 acetylcholinesterase-2와 같은 핵 유전자 표지를 병행한 다중 분자 분석을 통해 5개 지점에서 열대집모기 11개체를 확인하였다. 또한, 6종의 주요 매개바이러스 검사에서는 모든 개체가 음성이었다.

결론: 이번 조사는 제주지역에서 아열대성 모기가 서식하고 있음을 보여주는 첫 공식 사례로, 기후변화와 외래종 유입에 대응하기 위한 매개체 감시 강화 및 공중보건 전략 개선의 필요성을 시사한다.

주요 검색어: 열대집모기; 감시; 기후; 공중보건

서 론

모기매개 감염병은 전 세계적으로 중요한 공중보건 문제이며, 국내에서도 일본뇌염은 매년 약 20명 내외, 말라리아는 매년 약 600명 내외의 환자가 보고되고 있다. 특히 최근 기후변화와 국제 교류 확대는 국내에 존재하지 않던 아열대성 모기의 유입과 정착 가능성을 높이고 있으며, 이는 국내 모기 종 분포의 변화를 촉발하는 요인으로 작용할 수 있다.

Received October 20, 2025 Revised November 3, 2025 Accepted November 4, 2025
*Corresponding author: 이희일, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak66kr@gmail.com

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency
This is an Open Access aritcle 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.

핵심요약

① 이전에 알려진 내용은?

열대집모기(*Culex quinquefasciatus*)는 전 세계 열대 및 아열대 지역에 분포하며, 도시 환경에 적응해 일본뇌염바이러스, 웨스트나일바이러스, 림프사상충 등 다양한 병원체를 매개할 수 있는 주요 모기 종이다.

② 새로이 알게 된 내용은?

제주지역에서 이산화탄소를 유인제로 사용하여 채집한 모기 시료에 대해 분자 분석한 결과, 열대집모기(*Cx. quinquefasciatus*)가 확인되었다. 병원체 조사 결과 일본뇌염, 웨스트나일, 뎅기, 지카, 치쿤구니야, 황열바이러스 모두 음성이었다.

③ 시사점은?

제주지역에서 아열대성 모기의 서식이 확인되어 국내 모기 분포 변화와 모기매개 감염병 전파에 중요한 의미를 갖는다. 주요 모기매개 바이러스는 모두 음성이었으나, 국내에 서식 가능한 매개모기 종의 확대로 잠재적 유행 위험이 높아졌다고 판단된다. 이에 제주와 남부지역의 상시 감시 강화, 항만 · 공항 등 해외 유입지역 감시 확대, 유전자 분석 기반 감시체계 구축이 향후 모기매개 감염병 예방과 대응의 핵심이 될 것이다.

제주도는 아열대기후대에서 온대기후대로의 전이지대에 위치하고 있어 평균 기온이 높고 겨울이 온화하여 외래 모기의 생존에 유리한 조건을 제공한다. 또한 항만과 공항을 통한 교류가 활발하여 해외에서 새로운 모기 종이 유입될 가능성이 큰 지역이다. 이러한 배경에서 제주도는 아열대성 모기의 국내 유입 및 확산을 감시하는 데 있어 전략적으로 중요한 지역이라 할 수 있다. 이에 본 연구에서는 제주지역에서 채집된 모기를 대상으로 유전자 분석을 수행하여 아열대성 모기 종의 존재 여부를 확인하고, 향후 국내 모기 종 분포 변화 및 매개모기 감염병 발생 위험 평가에 대한 기초자료를 제공하고자 하였다.

방 법

1. 모기 채집 및 대상 모기 선정

2025년 7월 제주보건환경연구원과 호남권질병대응센터, 제주대학교, 제주한라대학교와 협력하여 제주지역 47개 지점을 대상으로 이산화탄소를 유인제로 사용하여 BG-Sentinel 트랩을 이용해 모기를 채집하였다. 이 중 형태학적으로 빨간집모기군(*Culex pipiens* complex)으로 분류된 147개체를 대상으로 유전자 분석을 실시하였다(표 1).

2. 분자적 종 동정

선별된 빨간집모기군은 날개 또는 다리를 각 개체별로 확보하고 자동 핵산 추출 장비(QIAcube HT; Qiagen)를 이용하여 DNA를 추출하였다. 이후 cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) 유전자 프라이머와 acetylcholinesterase-2 (*ace*-2) 유전자 프라이머를 사용하여 증폭하였으며, 이를 기존에 보고된 염기서열과 비교하였다.

Polymerase chain reaction (PCR) 반응은 총 부피 20 μl로 수행하였으며, 반응 구성 성분은 추출한 gDNA 2 μl, 1×

표 1. *COI*, *ace-2* 프라이머 정보

프라이머	염기서열(5'–3')	PCR 산물 크기	표적유전자
LCO1490_F	GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G	658 bp	*COI*
HCO2198	TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA		
Ace-quin	CCT TCT TGA ATG GCT GTG GCA	610 bp (*Culex pipiens* complex)	*Ace-2*
Ace-pip	GGA AAC AAC GAC GTA TGT ACT	274 bp (*Cx. quinquefasciatus*)	
B1246s	TGG AGC CTC CTC TTC ACG GC	Both band hybrid mosquito species	

COI=cytochrome c oxidase subunit I; *ace-2*=acetylcholinesterase-2; PCR=polymerase chain reaction; bp=base pair.

PCR buffer, 1 mM dNTPs, 1.5 mM $MgCl_2$, *Taq* DNA polymerase 1 unit (AccuPower® PCR PreMix; Bioneer), 각 프라이머 2 μl를 포함하였다.

COI 유전자의 증폭 조건은 먼저 초기 변성 단계(initial denaturation)를 94℃에서 1분간 1회 수행한 후, 예비 증폭 단계(pre-amplification)로 94℃ 1분, 45℃ 1분 30초, 72℃ 1분 30초를 5회 반복하였다. 이후 변성(denaturation) 94℃ 1분, 결합(annealing) 57℃ 1분 30초, 신장(extension) 72℃ 1분 30초를 35회 반복하였으며, 마지막으로 최종 신장 단계(final extension)를 72℃에서 5분간 1회 수행하였다.

Ace-2 유전자(*Ace* quin)의 증폭 조건은 초기 변성을 94℃에서 3분간 1회 수행한 후, 변성 94℃ 30초, 결합 56℃ 30초, 신장 72℃ 1분을 35회 반복하였다. 마지막으로 최종 신장을 72℃에서 10분간 1회 수행하였다. *Ace-2* 유전자(*Ace*-pip)의 증폭 조건은 초기 변성을 94℃에서 3분간 1회 수행한 후, 변성 94℃ 30초, 결합 50℃ 30초, 신장 72℃ 1분을 35회 반복하였다. 마지막으로 최종 신장을 72℃에서 10분간 1회 수행하였다. 이후, 열대집모기(*Cx. quinquefasciatus*)는 610 bp, 빨간집모기군(*Cx. pipiens* complex)은 274 bp, 교잡종(hybrids)은 610 bp와 274 bp에서 밴드를 확인하였다.

3. 병원체 분석

분자적 종 동정이 완료된 성충을 각 개체별로 Precellys® Evolution homogenizer (Bertin Technologies)를 이용하여 7,500 rpm에서 30초씩 2회 bead beating 과정을 통해 균질화하였다. 균질화된 시료는 13,000 rpm에서 1분간 원심분리하였으며, Clear-S™ Total RNA Extraction Kit (Invirustech)를 사용하여 RNA 추출하였다. 추출된 RNA는 Clear-MD® DENV/ZIKV/CHIKV/JEV/WNV/YFV Multiplex Real-time RT-PCR detection kit (FAM/HEX/ROX) (Invirustech)를 사용하여 병원체 분석을 수행하였다. PCR 반응은 총 부피 20 μl로 수행하였다. 반응 구성 성분은 역전사(reverse transcription) 반응 50℃에서 15분, 효소 활성화(heat activation) 95℃에서 2분, 변성 95℃ 15초, 결합 및 신장 58℃ 1분의 조건으로 설정하였다. 증폭은 QuantStudio™ 5 Real-Time PCR System 장비(Thermo Fisher Scientific)를 사용하여 수행하였으며, 증폭곡선 분석을 통해 양성을 판정하였다.

결 과

형태학적으로 빨간집모기군으로 분류된 147개체를 대상으로 유전자 분석을 수행한 결과, 5개 지역에서 열대집모기 11개체, 열대집모기와 빨간집모기군 간 교잡종 3개체, 빨간집모기군 67개체가 확인되었다. 분석된 염기서열은 미국 국립생물정보센터(National Center for Biotechnology Information) GenBank에 등록된 기존 열대집모기 및 빨간집모기군의 염기서열과 각각 비교하였으며, 모두 99-100%의 높은 유전적 상동성을 보였다. 이를 통해 형태학적으로 분류된 개체의 분자적 종 동정 결과를 교차 검증할 수 있었다. 세 집단은 형태학적으로 매우 유사하여 외부 형태만으로는 구분이 어려웠으며, 종 동정에 널리 사용되는 *COI* 유전자 분석만으로는 종 간 구분이 불가능하였다. 이에 따라 *ace-2*와 같은 핵 유전자 마커를 활용한 보조적인 분자 분석이 *Culex* 속 종 동정 및 교잡종 판별에 필수적임을 확인하였다(그림 1). 이러한 결과는 여러 선행연구에서도 보고된 바 있으며[1,2], 최근 국내 *Culex* 속 연구에서도 *COI* 분석만으로는 빨간집모기군과 열대집모기를 명확히 구분할 수 없다는 결과가 제시된 바 있다[3].

또한, 열대집모기, 빨간집모기군 및 교잡종 개체에 대해 일본뇌염바이러스(Japanese encephalitis virus), 웨스트나일바이러스(West Nile virus), 치쿤구니야바이러스(Chikungunya virus), 지카바이러스(Zika virus), 뎅기바이러스(Dengue virus), 황열바이러스(Yellow fever virus) 등 주요 모기매개 바이러스 감염 여부를 조사한 결과, 모든 시료에서 음성으로 확인

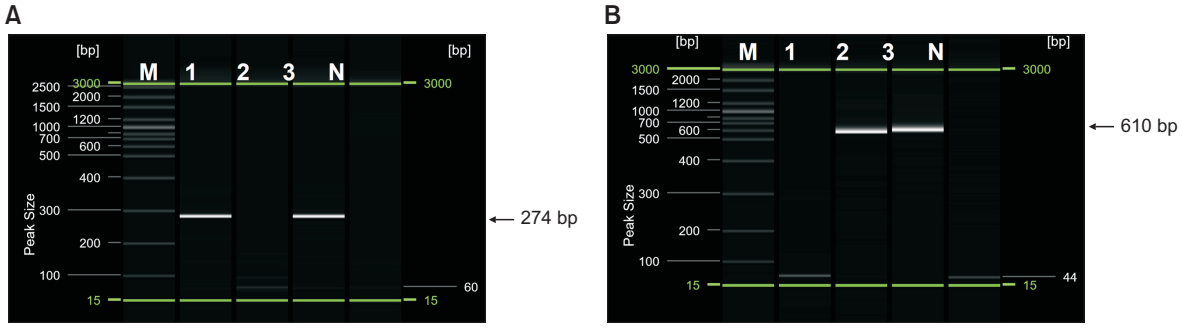

그림 1. 열대집모기, 빨간집모기군, 교잡종 *ace-2* 유전자 전기영동 결과
(A) *Ace*-quin 프라이머, (B) *Ace*-pip 프라이머. Lane M=Marker; Lane 1=열대집모기; Lane 2=빨간집모기군; Lane 3=교잡종; Lane N=음성대조군; bp=base pair.

되었다.

결 론

본 연구를 통해 제주지역에서 열대집모기와 교잡종이 확인된 것은 국내 모기 분포의 변화를 시사하는 중요한 결과로 평가된다. 열대집모기는 열대 및 아열대 지역에서 주로 분포하나, 기후변화에 따라 온대지역에서도 발견되며, 도시 환경에 높은 적응력을 지닌 종으로 알려져 있다. 세계보건기구(World Health Organization)에서는 이 종을 웨스트나일열(West Nile fever), 림프사상충증(lymphatic filariasis) 등의 주요 매개모기로 제시하고 있으며[4], 오염된 물웅덩이나 하수구 등 도심 환경에서도 흔히 서식하는 것으로 보고된다[5,6]. 이와 같은 생태적 특성은 열대집모기가 향후 국내에서도 정착 및 확산할 가능성을 높이는 요인으로 작용할 수 있다.

국내에서는 과거 1958년에 열대집모기 채집 기록이 보고된 이후 장기간 발견되지 않았으나[7,8], 최근 경남 고성 지역에서 단일 개체가 보고된 바 있다[9]. 그러나 해당 연구에서는 종 동정에 *COI* 유전자만을 사용하였기 때문에 종 확정에 한계가 있을 것으로 생각된다[3]. 이번 연구에서는 *ace-2* 유전자 분석을 병행함으로써 열대집모기 및 교잡종 존재를 명확히 확인할 수 있었다는 점에서 의미가 있다.

또한, 열대집모기와 빨간집모기군 간 교잡종의 발견은 생태학적 측면에서도 주목할 만하다. 교잡은 모기 개체군의 유전적 다양성 및 생태적 적응력을 변화시킬 수 있으며, 이는 새로운 서식지 확산 능력 증가, 병원체 감수성 변화, 나아가 모기매개 감염병의 전파 양상 변화로 이어질 가능성이 있다[2]. 따라서 제주 및 남부 지역을 중심으로 교잡 개체의 발생 추이를 지속적으로 모니터링하는 것이 필요하다.

특히, 제주도는 편서풍의 아열대적 기후 특성을 가지면서, 북상하는 태풍의 길목에 위치하고 있다. 또한 항만 · 공항을 통한 활발한 인적 · 물적 교류로 인해 외래 모기의 유입과 정착에 매우 유리한 환경을 갖추고 있다. 향후 기후변화가 지속됨에 따라 제주 및 남부지역은 아열대성 모기의 서식에 더욱 적합한 조건을 형성할 것으로 예상된다. 이에 따라 기후변화 대응 집중 매개체 감시센터를 중심으로 한 상시 감시체계 강화, 항만 · 공항 등 해외 유입 가능 지역의 정밀 감시 확대, 형태적 동정과 연계한 유전자 기반 종 동정 체계를 구축할 필요가 있다. 이러한 노력이 국내 모기매개 감염병의 조기 대응 및 국민 건강 보호에 기여할 것으로 판단된다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: This study was financially supported by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA;

6332-305) of the Republic of Korea.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Formal analysis: JYK, BRY. Investigation: JYK, GHK, HSO. Methodology: JYK, BRY, GHK, JWJ, JSI, WGL, YMY, JRK, HIL. Resources: BRY, GHK, HSO, JWJ, JSI, JHP, CJL, WGL, JUS, YMY, JRK, GRK, TGL. Supervision: HIL. Writing − original draft: JYK. Writing − review & editing: BRY, JWJ, HIL.

References

1. Hernández-Triana LM, Brugman VA, Nikolova NI, et al. DNA barcoding of British mosquitoes (Diptera, Culicidae) to support species identification, discovery of cryptic genetic diversity and monitoring invasive species. Zookeys 2019;832:57-76.
2. Shaikevich EV, Vinogradova EB, Bouattour A, Gouveia de Almeida AP. Genetic diversity of *Culex* pipiens mosquitoes in distinct populations from Europe: contribution of *Cx. quinquefasciatus* in Mediterranean populations. Parasit Vectors 2016;9:47.
3. Jeon J, Lee DY, Jo Y, Ryu J, Kim E, Choi KS. Wing geometric morphometrics and *COI* barcoding of *Culex pipiens* subgroup in the Republic of Korea. Sci Rep 2024;14:878.
4. World Health Organization (WHO). Vector-borne diseases [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Oct 15]. Available from: https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases
5. Samy AM, Elaagip AH, Kenawy MA, Ayres CF, Peterson AT, Soliman DE. Climate change influences on the global potential distribution of the mosquito *Culex quinquefasciatus*, vector of West Nile virus and lymphatic filariasis. PLoS One 2016;11:e0163863.
6. Gorris ME, Bartlow AW, Temple SD, et al. Updated distribution maps of predominant *Culex* mosquitoes across the Americas. Parasit Vectors 2021;14:547.
7. Lourenço-de-Oliveira R, Marques JT, Sreenu VB, et al. *Culex quinquefasciatus* mosquitoes do not support replication of Zika virus. J Gen Virol 2018;99:258-64.
8. Lee KW. Checklist of mosquitoes (Culicidae) in Korea. Korean J Parasito 1987;25:207-9.
9. Lee H, Park S, Han I, et al. Monitoring mosquito using a smart airborne net trap in South Korea. Korean J Appl Entomol 2024;63:131-5.

Surveillance Report

Identification of *Culex quinquefasciatus* Highlights the Need for Strengthened Vector Mosquito Surveillance in the Republic of Korea

Ji-Young Kwon[1], Bo-Ram Yun[1], Gi-hun Kim[1], Hyeon-Seok Oh[1], Jung-Won Ju[1], Jin-Suk Im[2], Jae-Hyeon Park[2], Chang-Jun Lee[2], Wook-Gyo Lee[3], Jae-Uk Seol[3], YoungMin Yun[4], Jiro Kim[5], GyeongRok Kim[5], TaeGyu Lee[5], Hee-Il Lee[1]*

[1]Division of Vectors and Parasitic Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and analysis, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea, [2]Division of Infectious Disease Research, Health and Environment Research Institute, Jeju Special Self-Governing Province, Jeju, Korea, [3]Division of Laboratory Diagnosis Analysis, Honam Regional Center for Disease Control and Prevention, Korea Diseases Control and Prevention Agency, Gwangju, Korea, [4]College of Veterinary Medicine and Veterinary Medical Resarch Institute, Jeju National University, Jeju, Korea, [5]Department of Clinical Laboratory Science, Cheju Halla University, Jeju, Korea

ABSTRACT

Objectives: We investigated the presence of subtropical mosquito vectors that may become established in the Republic of Korea (ROK) owing to climate change. Comprehensive surveillance was conducted on Jeju Island, a region with a subtropical climate with active external entry routes, where the risk of subtropical mosquito introduction and establishment is increasing.

Methods: In July 2025, adult mosquitoes were collected from 47 sites across Jeju Island using BG-Sentinel traps baited with carbon dioxide, in collaboration with Honam Regional Center for Disease Control, the Jeju Institute of Health and Environment, Jeju National University, and Cheju Halla University. A total of 147 mosquitoes, morphologically classified as belonging to the *Culex pipiens* complex, were subjected to genetic analyses for species identification. The collected specimens were screened for major mosquito-borne viruses, including the Japanese encephalitis, West Nile, Zika, Dengue, Chikungunya, and Yellow fever viruses.

Results: *Cx. quinquefasciatus* is morphologically very similar to the *Cx. pipiens* complex, making it difficult to distinguish based on external characteristics. In addition, the cytochrome c oxidase subunit I marker alone was insufficient for clear species differentiation. Therefore, through multiplex molecular analyses incorporating nuclear gene markers such as acetylcholinesterase-2, a total of 11 *Cx. quinquefasciatus* individuals were identified from five collection sites. Furthermore, all specimens tested negative for six major mosquito-borne viruses.

Conclusions: This study provides the first official report confirming the presence of subtropical mosquitoes on Jeju Island, ROK. These findings highlight the need to strengthen vector surveillance systems and refine public health strategies to address the potential establishment and northward expansion of subtropical mosquito species due to ongoing climate change and reveal an increased risk of exotic species introduction.

Key words: *Culex quinquefasciatus*; Surveillance; Climate; Public health

*Corresponding author: Hee-Il Lee, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak66kr@gmail.com

Key messages

① What is known previously?

Culex quinquefasciatus is a major mosquito species distributed throughout tropical and subtropical regions worldwide, well adapted to urban environments, and capable of transmitting various pathogens.

② What new information is presented?

Molecular analysis of mosquito samples collected from Jeju Island confirmed the presence of *Cx. quinquefasciatus*. Screening for pathogens yielded negative results.

③ What are implications?

Subtropical mosquitoes detected in Jeju Island indicate shifts in mosquito distribution and potential vector-borne disease risks in Republic of Korea. Although no major viruses were found, the growing presence of competent species suggests increased outbreak potential. Strengthening surveillance, expanding monitoring, and adopting gene-based systems are key to prevention.

Introduction

Mosquito-borne infectious diseases represent a major global public health concern. In the Republic of Korea (ROK), approximately 20 cases of Japanese encephalitis and around 600 cases of malaria are reported annually. Recent climate change and increased international exchange have markedly increased the likelihood of the introduction and establishment of subtropical mosquito species in the ROK, where they have not previously been recorded. This phenomenon may serve as a driving force, altering the distribution patterns of domestic mosquito populations.

Jeju Island, located in the transition zone between subtropical and temperate climates, provides favorable environmental conditions for the survival of invasive mosquito species due to its relatively high average temperatures and mild winters. In addition, active exchanges through its ports and airports make the island particularly susceptible to the introduction of new mosquito species from abroad. Given these factors, Jeju Island can be considered a region of significant strategic importance for monitoring the introduction and subsequent dispersal of subtropical mosquitoes within ROK. This study aims to conduct genetic analyses on mosquitoes collected from the Jeju island to confirm the presence of subtropical mosquito species and to provide foundational data for assessing future changes of distribution of domestic mosquito species and the associated risk of vector-borne infectious disease outbreaks.

Methods

1. Mosquito Collection and Target Mosquito Selection

In July 2025, mosquitoes were collected in collaboration with the Honam Regional Disease Response Center; the Institute of Health and Environmental Research, Jeju Special Self-Governing Province; Jeju National University; and Cheju Halla University. Mosquito collections were conducted using BG-Sentinel traps, with carbon dioxide as an attractant, at 47 locations across the Jeju island. Genetic analysis was performed on a total of 147 specimens that were morphologically identified as belonging to the *Culex pipiens* complex (Table 1).

2. Molecular Species Identification

After individual wings or legs were collected from the selected *Cx. pipiens* complex specimens, genomic DNA was extracted using automated nucleic acid extraction devices QIAcube HT (Qiagen). The amplification process was then

Table 1. Primer sets used for amplification of *COI* and *ace-2* genes

Primer	Sequence (5'–3')	Size of PCR product	Target gene
LCO1490_F	GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G	658 bp	*COI*
HCO2198	TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA		
Ace-quin	CCT TCT TGA ATG GCT GTG GCA	610 bp (*Culex pipiens* complex)	*Ace-2*
Ace-pip	GGA AAC AAC GAC GTA TGT ACT	274 bp (*Cx. quinquefasciatus*)	
B1246s	TGG AGC CTC CTC TTC ACG GC	Both band hybrid mosquito species	

COI=cytochrome c oxidase subunit I; *ace-2*=acetylcholinesterase-2; PCR=polymerase chain reaction; bp=base pair.

executed using specific primers to the cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) gene and the acetylcholinesterase-2 (*ace-2*) gene. The resulting sequences were compared with those previously reported in the scientific literature for molecular identification.

The polymerase chain reaction (PCR) was performed in a total reaction volume of 20 μl. Each reaction mixture contained 2 μl of extracted genomic DNA, 1× PCR buffer, 1 mM dNTPs, 1.5 mM $MgCl_2$, 1 unit of *Taq* DNA polymerase (AccuPower® PCR PreMix; Bioneer), and 2 μl of each primer.

For amplification of the *COI* gene, the PCR conditions included initial denaturation at 94°C for 1 minute (one cycle), followed by pre-amplification for five cycles, consisting of denaturation at 94°C for 1 minute, annealing at 45°C for 1 minute 30 seconds, and extension at 72°C for 1 minute 30 seconds. This was followed by 35 cycles of denaturation at 94°C for 1 minute, annealing at 57°C for 1 minute 30 seconds, and extension at 72°C for 1 minute 30 seconds. A final extension was performed at 72°C for 5 minutes (one cycle).

For amplification of the *ace-2* gene, two primer sets were used: *Ace-quin* and *Ace-pip*. For *Ace-quin*, the PCR conditions consisted of initial denaturation at 94°C for 3 minutes (one cycle), followed by 35 cycles of denaturation at 94°C for 30 seconds, annealing at 56°C for 30 seconds, and extension at 72°C for 1 minute, with a final extension at 72°C for 10 minutes (one cycle). For *Ace-pip*, the PCR conditions consisted of initial denaturation at 94°C for 3 minutes (one cycle), followed by 35 cycles of denaturation at 94°C for 30 seconds, annealing at 50°C for 30 seconds, and extension at 72°C for 1 minute, with a final extension at 72°C for 10 minutes (one cycle). PCR products were visualized as bands at 610 bp for *Cx. quinquefasciatus*, at 274 bp for the *Cx. pipiens* complex, and at both 610 bp and 274 bp for hybrids.

3. Pathogen Analysis

Molecularly identified adult mosquitoes of *Cx. quinquefasciatus* and the *Cx. pipiens* complex were individually homogenized using a Precellys® Evolution homogenizer (Bertin Technologies) with two bead-beating cycles at 7,500 rpm for 30 seconds each. The homogenized samples were then centrifuged at 13,000 rpm for 1 minute, and total RNA was extracted using the Clear-S™ Total RNA Extraction Kit (Invirustech). The extracted RNA was analyzed for pathogens using the Clear-MD® DENV/ZIKV/CHIKV/JEV/WNV/YFV Multiplex Real-Time RT-PCR Detection Kit (FAM/HEX/ROX) (Invirustech). The PCR was performed in a total volume of 20 μl. The amplification protocol included reverse transcription at 50°C for 15 minutes, heat activation at 95°C for 2 minutes, denaturation at 95°C for 15 seconds, and annealing/extension at 58°C for 1 minute. Amplification and detection

were performed using the QuantStudio™ 5 Real-Time PCR System equipment (Thermo Fisher Scientific), and positivity was determined based on amplification curve analysis.

Results

Genetic analysis of 147 specimens morphologically classified as belonging to the *Cx. pipiens* complex identified 11 *Cx. quinquefasciatus* individuals in 5 sites, three hybrids between *Cx. quinquefasciatus* and the *Cx. pipiens* complex, and 67 *Cx. pipiens* complex individuals. The obtained nucleotide sequences were compared with those of *Cx. quinquefasciatus* and the *Cx. pipiens* complex available in the GenBank database of the National Center for Biotechnology Information; all of them showed high genetic homology (99–100%). This approach enabled cross-validation of the molecular species identification results with the morphological classifications. The three groups exhibited highly similar morphological characteristics, making visual differentiation challenging. Additionally, analysis of the *COI* gene—a widely used marker for species identification—was inefficient to clearly distinguish between *Cx. quinquefasciatus* and the *Cx. pipiens* complex. Therefore, complementary molecular analyses employing nuclear gene markers such as *ace-2* were considered essential for accurate identification of *Culex* species and for differentiating hybrids (Figure 1). Several previous studies have reported similar findings [1,2], and recent domestic research on the *Culex* genus has likewise demonstrated the limitations of *COI* analysis in distinguishing between the *Cx. pipiens* complex and *Cx. quinquefasciatus* [3].

Additionally, pathogen screening for major mosquito-borne viruses—including Japanese encephalitis, West Nile, Chikungunya, Zika, Dengue, and Yellow fever virus—in *Cx. quinquefasciatus*, the *Cx. pipiens* complex, and hybrid specimens revealed negative.

Conclusion

This study identified *Cx. quinquefasciatus* and its hybrids in the Jeju region, representing a significant finding that indicates ongoing changes in the domestic mosquito distribution. *Cx. quinquefasciatus* is primarily distributed in tropical and subtropical regions; however, due to climatic changes, its presence has also been documented in temperate zones. It is known for its high adaptability to urban environments. The World Health Organization has designated this species as a significant vector of diseases such as West Nile fever and lymphatic

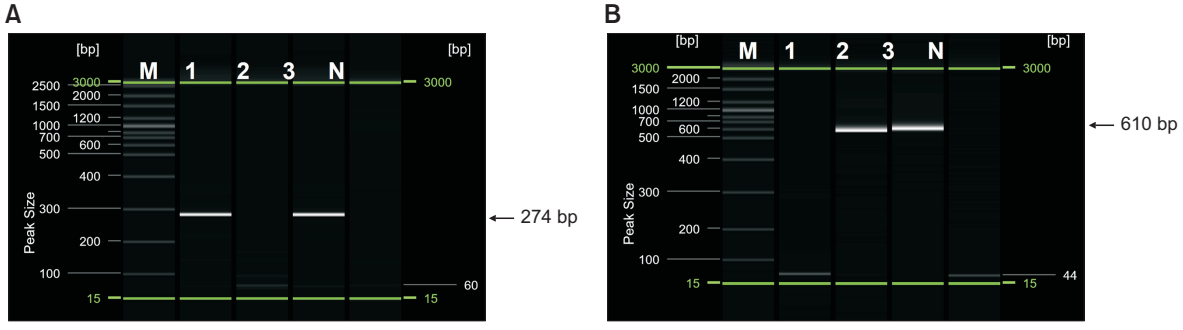

Figure 1. Electrophoresis results of the *ace-2* gene for *Culex quinquefasciatus*, *Cx. pipiens* complex, and hybrids
(A) *Ace*-quin primer, (B) *Ace*-pip primer. Lane M=marker; Lane 1=*Cx. quinquefasciatus*; Lane 2=*Cx. pipiens* complex; Lane 3=hybrid; Lane N=negative control; bp=base pair.

filariasis [4]. It is commonly reported to inhabit urban environments, including polluted puddles and sewers [5,6]. These ecological characteristics may contribute to an increased likelihood of *Cx. quinquefasciatus* establishing and spreading within ROK in the future.

Since the initial record of *Cx. quinquefasciatus* collection in 1958, no sightings of the species had been reported in the ROK for several decades [7,8]. However, a report described the detection of a single specimen in the Goseong area of Gyeongsangnam-do [9]. Nonetheless, as the study relied solely on the *COI* gene for species identification, its findings may be subject to limitations regarding species confirmation [3]. In contrast, the present study is of considerable significance, as it clearly identified the presence of *Cx. quinquefasciatus* and hybrids through concurrent analysis of the *ace-2* gene.

Moreover, the identification of hybrids between *Cx. quinquefasciatus* and the *Cx. pipiens* complex carries ecological significance. Hybridization has been shown to alter the genetic diversity and ecological adaptability of mosquito populations, thereby potentially enhancing their ability to colonize new habitats, modifying their susceptibility to pathogens, and influencing the transmission dynamics of mosquito-borne infectious diseases [2]. Therefore, continuous monitoring of hybrid occurrence—particularly in Jeju Island and other southern regions—is essential.

Jeju Island is characterized by a subtropical climate, influenced by westerly winds and its location along the northward trajectory of typhoons. In addition, active human and material exchanges through ports and airports create an environment highly conducive to the introduction and establishment of foreign mosquito species. As climate change continues to impact the planet, Jeju Island and southern regions of the ROK are expected to experience increasingly favorable conditions for the proliferation of subtropical mosquitoes. Accordingly, it is crucial to strengthen the existing surveillance system centered on the Vector Surveillance Center for Climate Change Response. Furthermore, precision monitoring should be expanded at potential points of international entry, such as ports and airports. It is also imperative to establish a genetics-based species identification framework that complements the existing morphological identification system. Overall, these measures will play a pivotal role in enabling rapid responses to mosquito-borne disease threats and safeguarding public health in the ROK.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: This study was financially supported by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA; 6332-305) of the Republic of Korea.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Formal analysis: JYK, BRY. Investigation: JYK, GHK, HSO. Methodology: JYK, BRY, GHK, JWJ, JSI, WGL, YMY, JRK, HIL. Resources: BRY, GHK, HSO, JWJ, JSI, JHP, CJL, WGL, JUS, YMY, JRK, GRK, TGL. Supervision: HIL. Writing − original draft: JYK. Writing − review & editing: BRY, JWJ, HIL.

References

1. Hernández-Triana LM, Brugman VA, Nikolova NI, et al. DNA barcoding of British mosquitoes (Diptera, Culicidae) to support species identification, discovery of cryptic genetic diversity and monitoring invasive species. Zookeys 2019;832:57-76.
2. Shaikevich EV, Vinogradova EB, Bouattour A, Gouveia de Almeida AP. Genetic diversity of *Culex* pipiens mosquitoes in distinct populations from Europe: contribution of *Cx. quinquefasciatus* in Mediterranean populations. Parasit Vectors 2016;9:47.
3. Jeon J, Lee DY, Jo Y, Ryu J, Kim E, Choi KS. Wing geometric morphometrics and *COI* barcoding of *Culex pipiens* subgroup in the Republic of Korea. Sci Rep 2024;14:878.
4. World Health Organization (WHO). Vector-borne diseases [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Oct 15]. Available from: https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases
5. Samy AM, Elaagip AH, Kenawy MA, Ayres CF, Peterson AT, Soliman DE. Climate change influences on the global potential distribution of the mosquito *Culex quinquefasciatus*, vector of West Nile virus and lymphatic filariasis. PLoS One 2016;11:e0163863.
6. Gorris ME, Bartlow AW, Temple SD, et al. Updated distribution maps of predominant *Culex* mosquitoes across the Americas. Parasit Vectors 2021;14:547.
7. Lourenço-de-Oliveira R, Marques JT, Sreenu VB, et al. *Culex quinquefasciatus* mosquitoes do not support replication of Zika virus. J Gen Virol 2018;99:258-64.
8. Lee KW. Checklist of mosquitoes (Culicidae) in Korea. Korean J Parasito 1987;25:207-9.
9. Lee H, Park S, Han I, et al. Monitoring mosquito using a smart airborne net trap in South Korea. Korean J Appl Entomol 2024;63:131-5.

조사/감시 보고
eISSN 2586-0860
https://doi.org/10.56786/PHWR.2025.18.45.2

PHWR Public Health Weekly Report

2022–2024년 국내 설사환자에서 분리된 살모넬라균의 혈청형 분석

정현주, 신은경, 김준영, 유재일*

질병관리청 진단분석국 세균분석과

초 록

목적: 본 연구는 2022년부터 2024년까지 수인성·식품매개 감염병 병원체 감시사업(Enteric Pathogens Active Surveillance Network, Enter-Net) 및 집단발생을 통해 확보된 살모넬라균 혈청형의 분포현황을 분석하여 살모넬라균의 감염병 대응 및 예방을 위한 자료로 활용하고자 한다.

방법: Enter-Net을 통해 수집된 검체와 개별발생 및 집단발생을 통해 수집된 검체에서 분리된 살모넬라균을 대상으로 혈청형 분석을 수행하였다.

결과: 확인된 살모넬라균은 2,817주로, 국내분리 2,786건, 해외유입 31건으로 총 131건의 혈청형으로 구분되었고, 주요 혈청형은 *Salmonella* Enteritidis 837주(29.7%), *S.* Typhimurium 327주(11.6%), *S.* I 4,[5],12:i:- (*S.* Typhimurium variant) 295주(10.5%), *S.* Infantis 258주(9.2%), *S.* Thompson 208주(7.4%), *S.* Bareilly 160주(5.7%)순으로 확인되었다. 집단발생의 주요 혈청형은 *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* Thompson이었다. 해외유입은 *S.* Enteritidis, *S.* Rissen, *S.* Weltevreden이 주요하게 확인되었다. 월별 분리율은 혈청형과 관계없이, 기온이 상승하는 5월부터 분리율이 증가하여 11월까지의 높은 분리율을 확인하였다.

결론: 2022–2024년 국내 수인성·식품매개 감염 환자에서 분리된 살모넬라균의 혈청형을 분석한 결과, *S.* Enteritidis의 비율이 증가하고 *S.* Typhimurium 및 *S.* I 4,[5],12:i:-는 감소하는 등 분포 변화와 전체 분리건수의 급증이 확인되었다.

주요 검색어: 살모넬라균; 살모넬라 혈청형; 살모넬라 감염증; 수인성·식품매개 감염병 병원체 감시사업

서 론

전 세계에서 가장 빈번하게 발생하는 식품매개 질환 중 하나인 살모넬라 감염증은, 살모넬라속에 속하는 세균들에 의해 발병되는 감염 질환으로, 주로 사람과 동물의 위장관에 감염을 일으키는 주요 병원균 중 하나이다[1]. 살모넬라균은 잠복기(6–72시간) 이후 발열, 복통, 구토, 설사, 두통 등의 위·장관 증상을 유발하며, 증상 대부분은 4–7일 이내에 회복된다. 일반적으로 특별한 치료 없이 자연적으로 회복되지만 노인, 영유아, 면역저하자에게서는 패혈증, 수막염 등 합병증으로 진행될 수 있으며, 이 경우에는 항생제 치료가 필요하다[2]. 감염경로는 주로 오염된 물, 살모넬라균에 감염된 동물과의

Received September 5, 2025 Revised October 13, 2025 Accepted October 20, 2025
*Corresponding author: 유재일, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an Open Access aritcle 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?

수인성 · 식품매개 감염병의 원인 병원체 중 살모넬라균의 대표적인 인체 감염 혈청형은 *Salmonella* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* I 4,[5],12:i:-로 확인되었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

최근 3년간 *S.* Enteritidis가 집단발생의 비율이 점점 높아지고 있다. 반면, *S.* I 4,[5],12:i:-가 집단발생에서 거의 검출되지 않고, 감시사업으로 확인되는 산발적 급성설사 환자에서 지속적으로 높은 분리율이 확인되었다.

③ 시사점은?

국내에서 유행하는 혈청형의 다양성 확대와 더불어 비정형 및 새로운 혈청형 균주의 증가는 기존 혈청형 분석만으로는 감시의 한계가 있으므로 유전체 분석기반의 진단 등 병원체 감시체계의 고도화의 필요성을 시사한다.

접촉, 오염된 음식물을 통해 이루어지는데, 특히 오염된 달걀, 가금류, 육류, 유제품을 통해 감염되는 사례가 빈번하다[3].

살모넬라는 장내세균과에 속하는 운동성 그람음성 간균으로 *Salmonella enterica*와 *S. bongori*의 두 종으로 분류되며, 이 중 *S. enterica*는 6개의 아종으로 나뉘며, 인체 감염의 대부분을 차지한다[4]. 살모넬라균의 혈청형(serotype)은 Kauffmann-White scheme에 따라 균체항원(O antigen), 두 종류의 편모항원(H antigen) 및 캡슐항원(Vi antigen)을 기반으로 정의되며, 현재까지 2,500여개 이상의 혈청형으로 분류되며[5], 각 혈청형에 따라 균의 특이성, 항생제 내성 등 다양한 특성을 나타나므로 정확한 혈청형 확인이 필요하다. 세계적으로 대표적인 살모넬라 혈청형은 *S.* Enteritidis와 *S.* Typhimurium으로 인체 감염율이 높다고 알려져 있다[6].

법정 감염병 제4급에 해당하는 살모넬라 감염증은 매년 증가추세로 확인되며[7], 식품의약품안전처에 따르면 2015년부터 2024년까지 발생한 식중독을 분류한 결과 살모넬라균이 병원성 대장균 다음으로 높은 분리율을 나타내었다[8]. 질병관리청은 1972년부터 수인성 · 식품매개 감염병의 원인 병원체에 대한 검사업무를 수행해 왔으며, 2003년부터 현재까지 수인성 · 식품매개 감염병 병원체 감시사업(Enteric Pathogens Active Surveillance Network, Enter-Net)을 운영하고 있다[9]. 본 글에서는 2022년부터 2024년까지 살모넬라 감염증의 주요 원인 혈청형을 파악하고, 유행의 예측과 예방을 위한 정보를 제공하고자 한다.

방 법

1. 병원체 수집

본 연구는 2022년 1월부터 2024년 12월까지 3년간 Enter-Net을 통해 전국 18개 시 · 도 보건환경연구원에서 수집된 산발적으로 발생한 국내 급성설사 환자 및 집단식중독을 통해 수집되어 분리된 병원체와 감시사업에 참여 중인 질병대응센터를 통해 해외에서 입국한 급성 설사환자 및 선박과 항공기의 변기오수 등에서 살모넬라균을 분리하였다. 분리된 살모넬라균은 질병관리청으로 송부되었다.

2. 살모넬라균 혈청형 확인

살모넬라균은 선택배지(MacConkey agar, Salmonella-Shigella agar, Xylose Lysine Deoxycholate agar)와 생화학적 동정배지(Kligler's Iron agar), 상용키트(API 20E Kit®, VITEK; Biomerieux)를 이용한 생화학분석 그리고 Kauffmann-White scheme 방법에 따른 균체항원(O-antigen)과 두 종류의 편모항원(H-antigen)을 조합하는 혈청학적 분석을 통해 최종 혈청형을 확인하였다.

결 과

2022년부터 2024년까지 지난 3년간 국내 발생과 해외 유입을 통해 확인된 살모넬라균은 총 2,817주로 131개의 혈청

표 1. 살모넬라균의 혈청형 연도별 분포, 2022–2024년

혈청형	2022년	2023년	2024년	합계	분리율(%)
Salmonella Enteritidis	169	293	375	837	29.71
Salmonella Typhimurium	156	80	91	327	11.61
Salmonella I 4,[5],12:i:-	103	86	106	295	10.47
Salmonella Infantis	62	125	71	258	9.16
Salmonella Thompson	22	139	47	208	7.38
Salmonella Bareilly	42	71	47	160	5.68
Salmonella Schwarzengrund	2	69	1	72	2.56
Salmonella Stanley	16	33	15	64	2.27
Salmonella Bovismorbificans	3	11	26	40	1.42
Salmonella Panama		34	2	36	1.28
Salmonella Agona	11	13	10	34	1.21
Salmonella Othmarschen	2	5	20	27	0.96
Salmonella Livingstone	16	6	4	26	0.92
Salmonella Montevideo	1	6	13	20	0.71
Salmonella Saintpaul	10		9	19	0.67
Salmonella Braenderup	4	10	4	18	0.64
Salmonella Paratyphi B	5	8	2	15	0.53
Salmonella Rissen	3	2	10	15	0.53
Salmonella Schleissheim	11	2	2	15	0.53
Salmonella Typhi	9		3	12	0.43
Salmonella Virchow	9	3		12	0.43
Salmonella Lome	1	3	7	11	0.39
Salmonella Singapore		11		11	0.39
Salmonella Mbandaka	4	2	4	10	0.35
Salmonella Javiana	2	5	2	9	0.32
Salmonella Weltevreden		3	6	9	0.32
Salmonella Give	2	4	2	8	0.28
Salmonella Newport	2	4	2	8	0.28
Salmonella 6,7:d:-			8	8	0.28
Salmonella Derby		3	4	7	0.25
Salmonella Ohio	5	1		6	0.21
Salmonella Hindmarsh	2	2	1	5	0.18
Salmonella Mikawasima	5			5	0.18
Salmonella Sandiego		3	2	5	0.18
Salmonella Uganda	1		4	5	0.18
Salmonella -:r:1,5		4	1	5	0.18
Salmonella Chester		4		4	0.14
Salmonella Durban	3	1		4	0.14
Salmonella Heidelberg	3		1	4	0.14
Salmonella Hvittingfoss		1	3	4	0.14
Salmonella Kottbus		2	2	4	0.14
Salmonella Litchfield	1	1	2	4	0.14
Salmonella Paratyphi A		1	3	4	0.14
Salmonella 4,5,12:d:-	1		3	4	0.14
Salmonella Brandenburg	2		1	3	0.11

표 1. 계속 1

혈청형	2022년	2023년	2024년	합계	분리율(%)
Salmonella Corvallis		1	2	3	0.11
Salmonella Dessau		3		3	0.11
Salmonella Eppendorf			3	3	0.11
Salmonella Hato	2	1		3	0.11
Salmonella Hillingdon	2		1	3	0.11
Salmonella Menston	3			3	0.11
Salmonella Narashino		2	1	3	0.11
Salmonella Senftenberg	1	1	1	3	0.11
Salmonella Treguier	1	1	1	3	0.11
Salmonella Worthington		1	2	3	0.11
Salmonella Anatum		1	1	2	0.07
Salmonella Augustenborg	1	1		2	0.07
Salmonella Bradford		1	1	2	0.07
Salmonella Chile			2	2	0.07
Salmonella Escanaba		2		2	0.07
Salmonella Gaminara			2	2	0.07
Salmonella Goldcoast	1	1		2	0.07
Salmonella Hartford	2			2	0.07
Salmonella Isangi		1	1	2	0.07
Salmonella Joal		2		2	0.07
Salmonella Kedougou		2		2	0.07
Salmonella Lagos		1	1	2	0.07
Salmonella Manhattan		2		2	0.07
Salmonella Mississippi	2			2	0.07
Salmonella Newmexico		2		2	0.07
Salmonella Orion		2		2	0.07
Salmonella Pomona	1	1		2	0.07
Salmonella Poona	2			2	0.07
Salmonella Soumbedioune	2			2	0.07
Salmonella Tanzania			2	2	0.07
Salmonella Tilene	2			2	0.07
Salmonella Urbana			2	2	0.07
Salmonella 6,7:y:-	1	1		2	0.07
Salmonella Aberdeen			1	1	0.04
Salmonella Agama	1			1	0.04
Salmonella Amoutive	1			1	0.04
Salmonella Bardo		1		1	0.04
Salmonella Blancmesnil			1	1	0.04
Salmonella Bristol			1	1	0.04
Salmonella Budapest			1	1	0.04
Salmonella Chichiri			1	1	0.04
Salmonella Denver		1		1	0.04
Salmonella Dieuppeul	1			1	0.04
Salmonella Dublin			1	1	0.04
Salmonella Eastbourne			1	1	0.04

표 1. 계속 2

혈청형	2022년	2023년	2024년	합계	분리율(%)
Salmonella Fulda		1		1	0.04
Salmonella Gatow	1			1	0.04
Salmonella Hadar			1	1	0.04
Salmonella Harburg			1	1	0.04
Salmonella Havana			1	1	0.04
Salmonella Jamaica		1		1	0.04
Salmonella Jangwani		1		1	0.04
Salmonella Kentucky			1	1	0.04
Salmonella Larochelle		1		1	0.04
Salmonella Lawndale	1			1	0.04
Salmonella London		1		1	0.04
Salmonella Minnesota		1		1	0.04
Salmonella Mokola		1		1	0.04
Salmonella Muenster var. 15+			1	1	0.04
Salmonella Nessziona		1		1	0.04
Salmonella Nima			1	1	0.04
Salmonella Ordonez	1			1	0.04
Salmonella Oritamerin	1			1	0.04
Salmonella Potsdam			1	1	0.04
Salmonella Ruzizi			1	1	0.04
Salmonella Saphra		1		1	0.04
Salmonella Tananarive	1			1	0.04
Salmonella Tennessee	1			1	0.04
Salmonella Tsevie			1	1	0.04
Salmonella Victoria	1			1	0.04
Salmonella Virginia		1		1	0.04
Salmonella Wil	1			1	0.04
Salmonella II 6,7 : l, z28 : 1,5			1	1	0.04
Salmonella II 3,10:l,z28:1,5			1	1	0.04
Salmonella II [1],13,23:z29:1,5			1	1	0.04
Salmonella IV 43:z36,z38:-		1		1	0.04
Salmonella IIIb 47:r:z			1	1	0.04
Salmonella IIIb 50:k:z			1	1	0.04
Salmonella IIIb 53:z10:z35			1	1	0.04
Salmonella IIIb 61:i:z	1			1	0.04
Salmonella IIIb 61:l,v:z35	1			1	0.04
Salmonella -:k:1,5			1	1	0.04
Salmonella 15:y:1,6			1	1	0.04
Salmonella 16, l,v,-		1		1	0.04
Salmonella 61:z52:z50			1	1	0.04
Salmonella spp.	7	13	12	32	1.14
합계	733	1,108	976	2,817	100.00

형이 확인되었다. 이 중 국내 발생 균주는 2,786주, 해외에서 유입된 균주는 31주이었다. 연간 평균 939건으로 확인되었으며 2022년 733주, 2023년 1,108주, 2024년 976주로 확인되었다(표 1).

지난 3년간 국내에서 분리된 살모넬라균의 주요 혈청형은 *S.* Enteritidis 837주(29.7%), *S.* Typhimurium 327주(11.6%)로

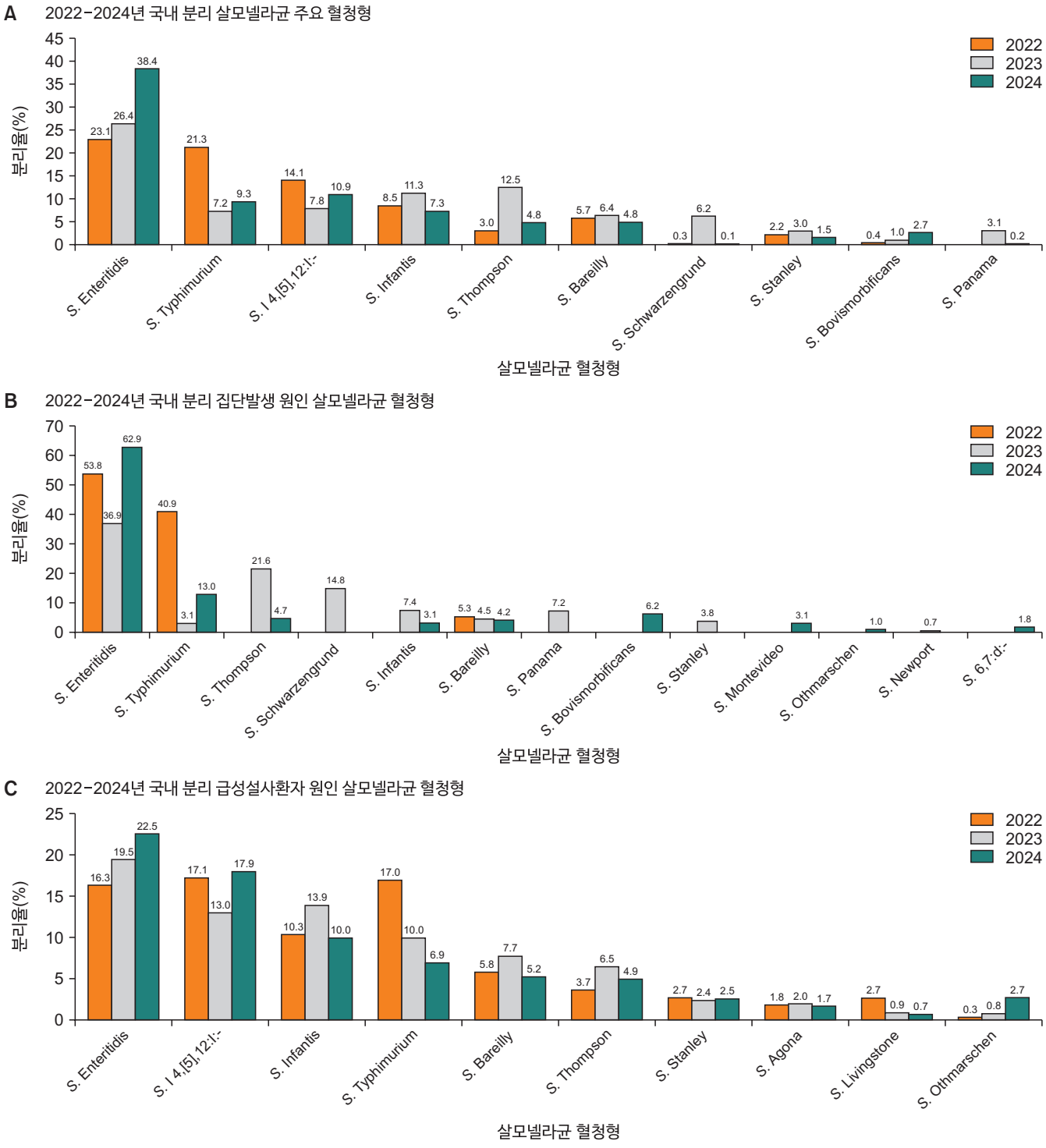

그림 1. 국내 분리 살모넬라균 주요 혈청형의 연도별 분포, 2022–2024년

확인되었고, 이 두 종의 혈청형이 전체 살모넬라균의 41.3%를 차지하였으며 이 외 *S.* I 4,[5],12:i:- (*S.* Typhimurium variant) 295주(10.5%), *S.* Infantis 258주(9.2%), *S.* Thompson 208주(7.4%), *S.* Bareilly 160주(5.7%)가 주요 혈청형으로 확인되었다. *S.* Enteritidis는 다른 혈청형에 비해 월등히 높고, 매년 증가하는 분리율을 보였으며, *S.* Typhimurium은 2022년도에 비해 2023, 2024년에는 분리율이 감소하여 10% 이하로 확인하였다. *S.* Infantis, *S.* Bareilly, *S.* Stanely, *S.* Agona는 매년 유사한 분리율을 확인하였다(그림 1A).

2022–2024년 집단발생에서 확인된 살모넬라균은 962주이며 총 13종류의 혈청형이 분리되었고, 전체 분리 건수 중 34.1%를 나타내었다. 이 중 *S.* Enteritidis가 477주(49.6%)로 월등히 많은 분리율을 나타내었고 *S.* Typhimurium 118주(12.3%), *S.* Thompson 114주(11.9%) 순으로 확인되었다. 그 외에는 *S.* Schwarzengrund 66주(6.9%), *S.* Infantis 45주(4.7%), *S.* Bareilly 43주(4.5%), *S.* Panama 32주(3.3%), *S.* Bovismorbificans 24주(2.5%), *S.* Stanley 17주(1.8%), *S.* Montevideo 12주(1.2%), *S.* Othmarschen 4주(0.4%), *S.* Newport 3주(0.3%), *S.* 6,7:d:- 7주(0.7%)로 확인하였다. 주요 집단발생 원인 혈청형은 *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* Thompsom으로 73.7%를 차지함을 확인하였다(그림 1B).

집단발생을 제외한 급성설사 환자 분리 살모넬라균의 경우 주요 혈청형이 *S.* Enteritidis 360주(19.4%), *S.* I 4,[5],12:i:- 295주(15.9%), *S.* Infantis 213주(11.5%), *S.* Typhimurium 209주(11.3%), *S.* Bareilly 117주(6.3%), *S.* Thompson 94주(5.1%)로 2022–2024년 전체 주요 혈청형과 유사한 양상을 보였으나, *S.* I 4,[5],12:i:-는 집단발생에서 확인되지 않고 감시사업의 급성설사 환자에서 분리되어 295주, 15.9%로 *S.* Enteritidis (19.4%) 다음으로 높은 분리율을 보였다(그림 1C).

해외유입 살모넬라 균주는 필리핀, 태국, 일본에서 유입된 검체에서 총 31주로 17종류의 혈청형이 확인되었다. *S.* Enteritidis 4주(12.9%), *S.* Rissen 3주(9.7%), *S.* Weltevreden 3주(9.7%), *S.* Tanzania, *S.* Eppendorf, *S.* Agona, *S.* Infantis가 각각 2주(6.5%)씩 확인되었으며, *S.* Anatum, *S.* Bradford, *S.* Fulda, *S.* Kottbus, *S.* Muenster var 15+, *S.* Nessziona, *S.* Stanley, *S.* Uganda, *S.* 15:y:1,6가 각각 1주(3.2%)씩, *S.* spp.가 4주(12.9%)로 확인되었다. 해외 유입 균주의 경우 2019년 12월부터 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 팬데믹으로 2022년도까지 균주 유입이 확인되지 않았으며 2023년 4주, 2024년 27주이 확인되었다(그림 2).

지역별로 살모넬라균은 인천 393주(14.1%), 광주 339주(12.2%), 전남 296주(10.6%), 부산 289주(10.4%), 경북 281주(10.1%)로 확인되었다. *S.* Enteritidis는 충남 64주(98.5%), 울산 36주(72.0%), 서울 54주(56.3%), 세종 28주(56.0%), 경기 73주(50.7%)로 5개의 지역에서 특히 더 높은 분리율을 보였다. 충북은 *S.* Typhimurium이 14주(63.6%), 전북은 *S.* Infantis가 24주(29.6%), 제주는 *S.* Thompson이 43주(27.7%)로 높은 분리율을 보였다(표 2).

3년 동안 살모넬라균의 월별 분리율을 확인한 결과 연도별로 다른 양상을 보이지만 2월부터 4월까지는 5% 이하의 낮은 분리율을 보이고, 5월부터 8월까지 점점 증가하다가 10월부터 감소하는 추세를 보였다(그림 3A). 6개의 주요 혈청형 분리율 결과 *S.* Enteritidis는 2022년 11월에 37주(21.9%),

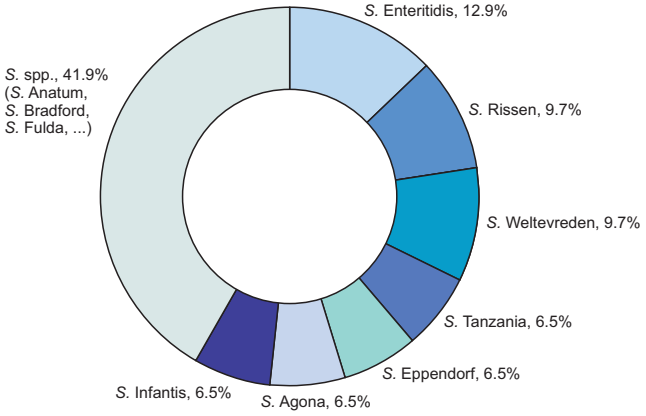

그림 2. 해외유입 살모넬라균의 혈청형 분포, 2022–2024년

표 2. 국내 분리 살모넬라균의 혈청형 연도별 분포, 2022–2024년

지역	*S.* Enteritidis	*S.* Typhimurium	*S.* I 4,[5],12:i:–	*S.* Infantis	*S.* Thompson	*S.* Bareilly	그 외 혈청형	합계
인천	98 (24.9)	18 (4.6)	80 (20.4)	47 (12.0)	6 (1.5)	35 (8.9)	109 (27.7)	393 (14.1)
광주	66 (19.5)	26 (7.7)	53 (15.6)	39 (11.5)	26 (7.7)	31 (9.1)	98 (28.9)	339 (12.2)
전남	27 (9.1)	14 (4.7)	65 (22.0)	45 (15.2)	24 (8.1)	21 (7.1)	100 (33.8)	296 (10.6)
부산	119 (41.2)	51 (17.6)	1 (0.3)	9 (3.1)	44 (15.2)	13 (4.5)	52 (18.0)	289 (10.4)
경북	96 (34.2)	52 (18.5)	17 (6.0)	32 (11.4)	16 (5.7)	21 (7.5)	47 (16.7)	281 (10.1)
경남	61 (37.2)	14 (8.5)	12 (7.3)	13 (7.9)	12 (7.3)	2 (1.2)	50 (30.5)	164 (5.9)
제주	14 (9.0)	39 (25.2)	11 (7.1)	4 (2.6)	43 (27.7)	6 (3.9)	38 (24.5)	155 (5.6)
경기	73 (50.7)	24 (16.7)	0 (0.0)	12 (8.3)	6 (4.2)	1 (0.7)	28 (19.4)	144 (5.2)
대구	11 (7.9)	22 (15.7)	23 (16.4)	10 (7.1)	25 (17.9)	6 (4.3)	43 (30.7)	140 (5.0)
대전	54 (48.6)	14 (12.6)	11 (9.9)	3 (2.7)	0 (0.0)	3 (2.7)	26 (23.4)	111 (4.0)
서울	54 (56.3)	12 (12.5)	5 (5.2)	4 (4.2)	0 (0.0)	3 (3.1)	18 (18.8)	96 (3.4)
강원	12 (12.9)	12 (12.9)	12 (12.9)	12 (12.9)	1 (1.1)	6 (6.5)	38 (40.9)	93 (3.3)
전북	14 (17.3)	5 (6.2)	1 (1.2)	24 (29.6)	1 (1.1)	10 (12.3)	26 (32.1)	81 (2.9)
충남	64 (98.5)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (1.5)	65 (2.3)
울산	36 (72.0)	3 (6.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	9 (18.0)	50 (1.8)
세종	28 (56.0)	7 (14.0)	3 (6.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	9 (18.0)	50 (1.8)
충북	4 (18.2)	14 (63.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (18.2)	22 (0.8)
경기 북부	2 (11.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (17.6)	1 (5.9)	11 (64.7)	17 (0.6)

단위: 검체 수(%).

2023년 12월에 76주(25.9%), 2024년 5월에 84주(22.7%)로 1년 중 가장 높은 분리율을 확인하였다(그림 3B). *S.* Typhimurium은 2022년, 2023년 9월에 36주(23.1%), 24주(30.0%), 2024년 8월에 29주(31.9%)로 가장 높은 분리율을 확인하였다(그림 3C). *S.* I 4,[5],12:i:-는 2022년에는 7월–8월에 21주(20.4%), 2023년에는 8월에 20주(23.3%), 2024년에는 9월에 38주(35.8%)의 분리율을 확인하였다(그림 3D). *S.* Infantis는 2022년에 8월부터 11월(12.9–29.0%)까지 높은 분리율을 보였으며, 2023년에는 7월부터 9월(10.4–24.8%)까지, 2024년에는 6월(21.1%)에 높은 분리율을 확인하였다(그림 3E). *S.* Thompson은 3년 동안 2월부터 4월까지는 0%의 분리율을 보였으며, 2022년은 1월 8주(36.4%), 2023년과 2024년은 8월에 77주(55.4%), 16주(34.0%)로 1년 중 가장 높은 분리율을 보였다(그림 3F). *S.* Bareilly는 3년 동안 8월부터 10월까지 높은 분리율을 보이는 것으로 확인하였으나, 2024년은 1월과 2월이 각각 25.5%로 다른 월보다 높은 분리율을 보였다(그림 3G).

논 의

본 연구는 2022년부터 2024년까지 국내 수인성 · 식품매개 감염병 관련 급성 설사환자 및 집단발생 등에서 분리한 살모넬라균을 대상으로 혈청형 분포를 분석하였다. 지난 3년간 국내 살모넬라균의 Enteritidis, Typhimurium, I 4,[5],12:i:-, Infantis, Thompson, Bareilly가 주요 혈청형으로 확인되었으며 이는 이전에 보고한 국내 발생[10]과 비교 분석 결과, 2019–2021년까지 수집된 살모넬라균은 1,872주, 2022–2024년 2,817주로 최근 3년간 살모넬라 감염증이 1,000주 이상 증가한 것을 확인하였다.

혈청형 분포는 유사한 경향을 보이지만 2019–2021년까지는 *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* I 4,[5],12:i:-만으로 전체의 55% 이상 차지하였으나 살모넬라 건수가 증가한 2022–2024년에는 전체 51%로 소폭 감소하였고, *S.* Enteritidis는 분리율이 20.2%에서 29.7%로 증가, *S.* Typhimurium (19.1%→11.6%)과 *S.* I 4,[5],12:i:- (16.1%→10.5%)의 비율

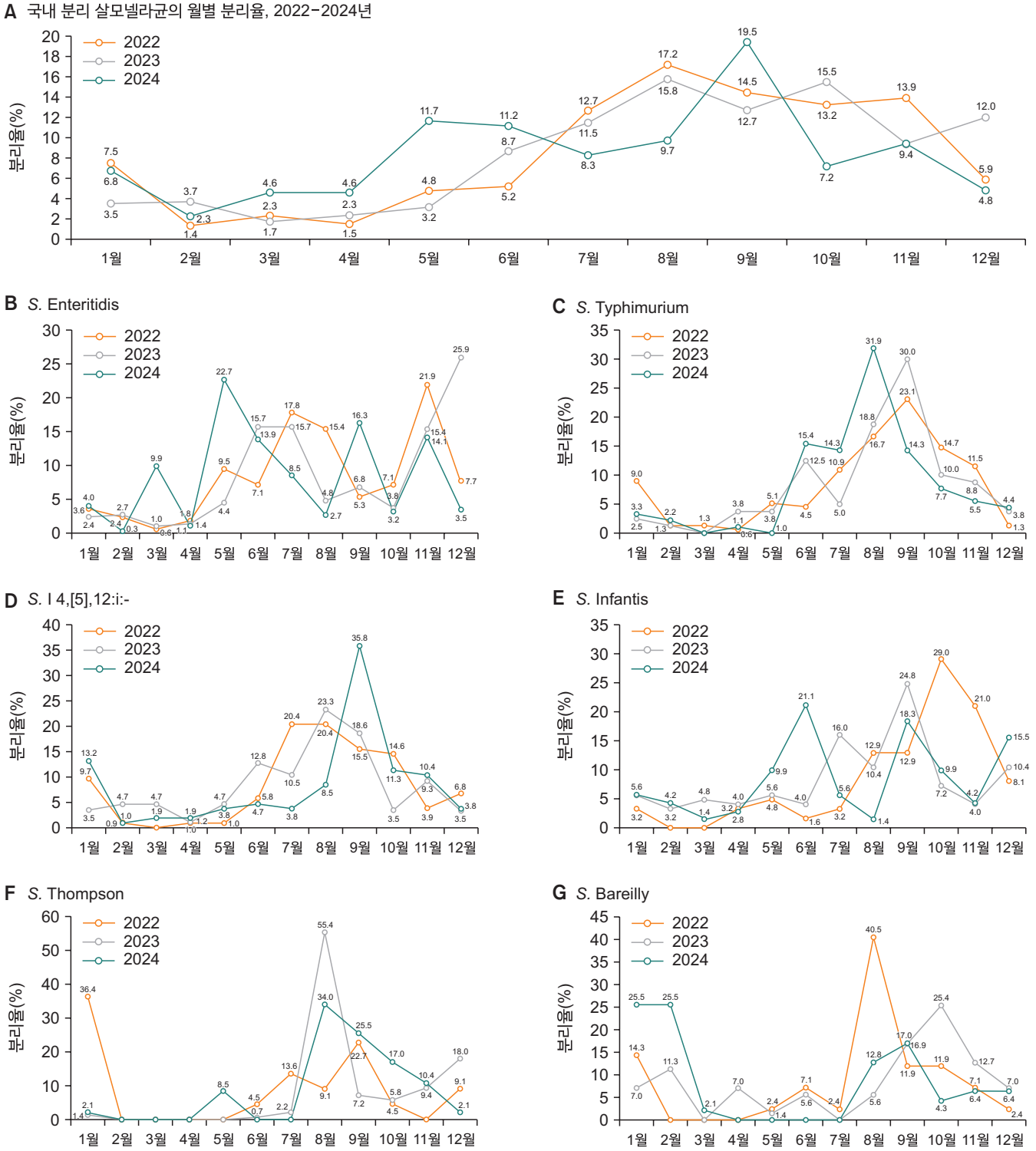

그림 3. 국내 분리 살모넬라균의 월별 분포 및 주요 혈청형의 월별 분포, 2022–2024년

은 감소하여 해당 혈청형의 분리건수가 대폭 감소한 것을 알 수 있다. 이는 *S.* Enteritidis 원인 집단발생이 살모넬라균 원인 집단식중독의 대부분을 차지하고 있어 분리율 및 분리건수가 대폭 증가의 원인으로 사료된다.

전 세계적으로 식중독 발생의 주된 살모넬라 혈청형은 나라별 차이가 있으나 주요 혈청형은 *S.* Enteritidis, *S.*

Typhimurium, *S.* I 4,[5],12:i:-로 국내와 유사한 경향으로 확인된다[6]. *S.* Enteritidis는 국내뿐만 아니라 식중독의 주요 원인 혈청형으로 유럽, 아시아, 일부 남미에서 우점하여 주로 계란, 가금류와 연관되어 발생하고 있으며, *S.* Typhimurium은 미국, 아프리카, 중국 등에서 돼지고기, 소고기, 가금류 등을 통한 감염사례가 보고되고 있다. *S.* I 4,[5],12:i:-는 유럽과 아시아지역에서 최근 비율이 증가하여 특히 돼지고기와 연관된 대규모 집단사례에서 확인되고 있다[11,12]. *S.* Infantis, *S.* Newport, *S.* Stanley, *S.* Anatum 등과 같은 혈청형도 집단식중독에 원인 혈청형으로 규명이 증가하고 다양한 동물성 식품 및 수입식품에서 검출이 확인되고 있다[13,14]. 특히, 국내에서는 *S.* I 4,[5],12:i:-가 집단발생에서 거의 검출되지 않고 감시사업으로 확인되는 산발적 급성설사 환자에서 지속적으로 높은 분리율이 확인되었다. 이러한 국내 · 외 살모넬라 혈청형 분포 및 집단발생 원인 등에 따라 분리되는 혈청형 차이는 차후 국내에서의 새로운 혈청형 분포의 가능성을 시사한다.

해외유입 균주에서 확인된 혈청형은 코로나19 팬데믹으로 인한 해외유입 감소 이후 2023년부터 점진적 증가하고, 분리되는 혈청형도 다변화되는 추세로 국내에서 분리율을 높은 *S.* Enteritidis를 비롯하여 다양한 혈청형이 확인되었다. 국내에서 분리율이 매우 낮은 *S.* Fluda와 *S.* Tanzania나 동남아 지역에서 흔히 확인되는 *S.* Rissen, *S.* Weltevreden와 같은 혈청형이 확인[13]되어 2019년 이후 해외여행 재개 및 국제 교류 증가가 영향이 있음을 시사한다.

세균성 질환의 특징인 기온이 상승했을 때, 세균이 생육하기에 이상적인 환경으로 발생율이 높다고 알려져 있다[9]. 연도별, 월별 분리율을 분석한 결과 기존 여름철인 6-9월에서 살모넬라 분리율이 높다고 알려져 있으나 본 연구에서는 5월부터 분리율이 뚜렷하게 상승하여 8-9월까지 높은 상태를 유지하고 11월까지 분리율이 높게 나타나고 있다. 또한 집단발생 등에 의해 월별 분리율이 급상승하는 양상도 확인하였다. 매년 집단발생 등 이슈에 따라 월별 분리율 혈청형 간에 경향이 상이하게 확인되지만, 최근 온난화와 여름철 고온현상의 장기화에 따라 감염성 세균의 계절성 패턴을 예년보다 앞당기고 있음을 시사한다.

지역별로도 인천, 광주, 부산 등 광역시에서 상대적으로 분리 빈도가 높으며, 주요 혈청형은 지역에 따라 차이를 확인하였다. 이는 지역별로 감시사업으로 수집되는 혈청형 양상와 집단발생에 따라 혈청형 분포 차이로 사료된다.

국내 살모넬라 혈청형 분포는 세계적 주요 유행 혈청형과 유사하며, 분포의 다양성은 국내 · 외 모두 증가 추세이나 *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* I 4,[5],12:i:-는 여전히 급성 설사환자의 주요 원인 병원체로 보고되고 있다. 특히 해외여행, 수입식품 소비 증가와 해외 출입국 증가에 따라 해외유입 균주를 포함한 기존 Kauffmann-White scheme 분류법으로 혈청형 규명이 안되거나 국내에서 확인되지 않았던 혈청형 등이 분리되고 있어 지속적인 감시가 필요하다. 따라서 본 연구는 국내 유행의 살모넬라균의 혈청형을 지속적으로 파악하고 집단발생 원인 혈청형이나 비전형 혈청형, 새로운 혈청형에 대한 신속한 감염병 대응 및 예방을 위한 병원체 감시체계 고도화를 위한 기초자료로 제공하고자 한다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Data curation: HJJ, EKS. Formal analysis: HJJ, EKS. Supervision: EKS, JYK, JIY. Visualization: HJJ. Writing – original draft: HJJ, EKS. Writing – review & editing: EKS, JYK, JIY.

References

1. Billah MM, Rahman MS. *Salmonella* in the environment: a review on ecology, antimicrobial resistance, seafood contaminations, and human health implications. J Hazard Mater Adv 2024;13:100407.
2. Eng SK, Pusparajah P, Ab Mutalib NS, Ser HL, Chan KG, Lee LH. *Salmonella*: a review on pathogenesis, epidemiology and antibiotic resistance. Front Life Sci 2015;8: 284-93.
3. Lamichhane B, Mawad AMM, Saleh M, et al. Salmonellosis: an overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial resistant infections. Antibiotics (Basel) 2024;13:76.
4. Brenner FW, Villar RG, Angulo FJ, Tauxe R, Swaminathan B. *Salmonella* nomenclature. J Clin Microbiol 2000; 38:2465-7.
5. Grimont PAD, Weill FX. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. 9th ed. WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*, Institut Pasteur; 2007. p. 1-166.
6. Nazir J, Manzoor T, Saleem A, et al. Combatting *Salmonella*: a focus on antimicrobial resistance and the need for effective vaccination. BMC Infect Dis 2025;25:84.
7. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Guidelines for management of waterborne and foodborne infectious diseases. KDCA; 2025.
8. Food Safety Korea. Food poisoning statistics [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2025 [cited 2025 Jul 14]. Available from: https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do?menu_no=4425&menu_grp=MENU_NEW02
9. Hong M, Shin E, Kim J, Yoo J. Laboratory surveillance of waterborne and foodborne infectious disease causing bacteria in the Republic of Korea (2019–2022). Public Health Wkly Rep 2024;17:1941-55.
10. Jeong HJ, Shin E, Park J, Han J, Kim J, Yoo J. Trends in serotype distribution of *Salmonella enterica* isolated from diarrheal patients in Korea, 2019 to 2021. Public Health Wkly Rep 2022;15:2615-31.
11. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Samonellosis: annual epidemiological report for 2022 [Internet]. ECDC; 2024 [cited 2025 Jul 14]. Available from: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/SALM_AER_2022_Report.pdf
12. Wang T, Li W, Zhang R, et al. Epidemiological features of nontyphoidal *Salmonella* infections reported to foodborne disease surveillance system in China, 2013-2022. BMC Public Health 2025;25:2258.
13. Kumar G, Kumar S, Jangid H, Dutta J, Shidiki A. The rise of non-typhoidal *Salmonella*: an emerging global public health concern. Front Microbiol 2025;16:1524287.
14. Liao YS, Lauderdale TL, Chang JH, et al. Epidemiological trends in serotypes distribution and antimicrobial resistance in *Salmonella* from humans in Taiwan, 2004-2022. IJID Reg 2024;11:100372.

PHWR
Public Health Weekly Report

Surveillance Report

Trends in the Serotype Distribution of *Salmonella enterica* Isolated from Patients with Diarrhea in the Republic of Korea from 2022 to 2024

Hyun Ju Jeong, Eunkyung Shin, Junyoung Kim, Jaeil Yoo*

Division of Bacterial Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and analysis,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: This study aimed to analyze and provide information on the distribution of *Salmonella* serotypes identified through the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net) and outbreak investigations in the Republic of Korea (ROK) from 2022 to 2024.

Methods: The isolates from domestic residents and outbreaks were collected using the Enter-Net, and serotyping was performed.

Results: In total, 2,817 *Salmonella* isolates were identified, including 2,786 domestic cases and 31 imported cases, encompassing 131 distinct serotypes. The predominant serotypes were *Salmonella* Enteritidis (837 isolates, 29.7%), *S.* Typhimurium (327, 11.6%), *S.* I 4,[5],12:i:- (*S.* Typhimurium variant) (295, 10.5%), *S.* Infantis (258, 9.2%), *S.* Thompson (208, 7.4%), and *S.* Bareilly (160, 5.7%). The primary serotypes associated with the outbreaks were found to be *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, and *S.* Thompson, whereas the leading serotypes among imported cases were *S.* Enteritidis, *S.* Rissen, and *S.* Weltevreden. Monthly isolation rates increased from May, coinciding with higher temperatures, and remained elevated throughout November, regardless of the serotype.

Conclusions: Analysis of *Salmonella* isolates from domestic waterborne and foodborne infections between 2022 to 2024 showed an increased proportion of *S.* Enteritidis, decline of *S.* Typhimurium and S. I 4,[5],12:i:-.

Key words: *Salmonella*; *Salmonella* serotypes; *Salmonella* infections; Enteric Pathogens Active Surveillance Network

*Corresponding author: Jaeil Yoo, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@korea.kr

Introduction

Salmonella infection is one of the most common foodborne illnesses worldwide, caused by bacteria of the *Salmonella* genus. It primarily affects the gastrointestinal tract of humans and animals [1]. Following an incubation period of 6–72 hours, *Salmonella* spp. typically cause gastrointestinal symptoms, including fever, abdominal pain, vomiting, diarrhea, and headache. Most cases resolve spontaneously within four to seven days. However, in older adults, infants, and

Key messages

① What is known previously?

Salmonella, a major pathogen causing water- and food-borne infections, has been commonly associated with human cases caused by *Salmonella* Enteritidis, *S.* Typhimurium, and *S.* I 4,[5],12:i:-.

② What new information is presented?

Over the past three years, *S.* Enteritidis has increasingly caused outbreaks, whereas *S.* I 4,[5],12:i:- has rarely been detected in outbreaks but has been consistently isolated from sporadic acute diarrhea cases through surveillance.

③ What are implications?

These trends highlight the need to improve surveillance systems using genome-based methods, because growing serotype diversity and atypical strains limit conventional serotyping. Continuous monitoring of domestic and imported strains is essential for the effective control of *Salmonella*.

immunocompromised individuals, the infection can lead to severe complications, such as sepsis or meningitis, requiring antimicrobial therapy [2]. Transmission primarily occurs through ingestion of contaminated water or food, or through contact with infected animals. Common sources include contaminated eggs, poultry, meat, and dairy products [3].

Salmonella is a motile, Gram-negative bacillus belonging to the family Enterobacteriaceae. It comprises two species, *S. enterica* and *S. bongori*. Among these, *S. enterica* is further divided into six subspecies, with most human infections attributed to one of them [4]. The Kauffmann-White scheme classifies *Salmonella* serotypes based on the O antigen, two types of H antigens, and the Vi antigen. To date, more than 2,500 serotypes have been identified [5]. Each serotype exhibits distinct host specificity and antibiotic resistance patterns, emphasizing the importance of accurate serotype identification. Globally, *S.* Enteritidis and *S.* Typhimurium are among the most prevalent serotypes in human infectious [6].

Recent evidence indicates a steady annual increase in *Salmonella* infections, which are classified as Class 4 notifiable infectious diseases [7]. According to the Ministry of Food and Drug Safety, analyses of food poisoning cases from 2015 to 2024 revealed that *S.* spp. had the second-highest isolation rate, following pathogenic *Escherichia coli* [8]. Since 1972, the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has investigated the causative pathogens of waterborne and foodborne infectious diseases. In 2003, the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net) program was established to monitor pathogens responsible for such infections [9]. This study aims to identify the predominant *Salmonella* serotypes responsible for infections between 2022 and 2024 and to provide data that may aid in the prediction and prevention of future outbreaks.

Methods

1. Pathogen Collection

This study utilized data collected between January 2022 and December 2024 through the Enter-Net, a system designed to monitor and record enteric pathogen activity nationwide. *S.* spp. were isolated from sporadic cases of acute diarrhea and group foodborne outbreaks reported by 18 metropolitan and provincial health and environmental research institutes nationwide. Additional isolates were obtained from patients with acute diarrhea returning from overseas and from sewage samples collected from ship and aircraft toilets, as part of the

surveillance efforts conducted by participating disease response centers. All *Salmonella* isolates were forwarded to the KDCA for further analysis.

2. Identification of *Salmonella* Serotypes

S. spp. were identified through biochemical and serological analyses. Biochemical identification was performed using selective media (MacConkey agar, Salmonella–Shigella agar, and Xylose Lysine Deoxycholate agar), biochemical media (Kligler's Iron agar), and commercial identification kits (API 20E Kit®, VITEK; Biomerieux). Serotyping was conducted according to the Kauffmann-White scheme, based on the determination of O and H antigens, to establish the definitive serotype of each isolate.

Results

From 2022 to 2024, a total of 2,817 *Salmonella* strains were identified from domestic outbreaks and imported cases, representing 131 distinct serotypes. Of these, 2,786 strains were of domestic origin, and 31 were imported. The annual average number of cases was 939, with 733 cases in 2022, 1,108 cases in 2023, and 976 cases in 2024 (Table 1).

Over the three-year period, the major serotypes of *Salmonella* isolated domestically were *S*. Enteritidis (837 strains, 29.7%) and *S*. Typhimurium (327 strains, 11.6%), together accounting for 41.3% of all *Salmonella* strains. Other prevalent serotypes included *S*. I 4,[5],12:i:- (*S*. Typhimurium variant; 295 strains, 10.5%), *S*. Infantis (258 strains, 9.2%), *S*. Thompson (208 strains, 7.4%), and *S*. Bareilly (160 strains, 5.7%). The isolation rate of *S*. Enteritidis showed a steady increase over the years, while *S*. Typhimurium declined in 2023 and 2024, falling below 10%. Serotypes, such as *S*. Infantis, *S*. Bareilly, *S*. Stanley, and *S*. Agona maintained relatively stable annual isolation rates (Figure 1A).

Among outbreak-associated cases, 962 *Salmonella* strains were identified, representing 13 serotypes and accounting for 34.1% of all isolates. *S*. Enteritidis predominated with 477 strains (49.6%), followed by *S*. Typhimurium (118 strains, 12.3%) and *S*. Thompson (114 strains, 11.9%). Other serotypes included *S*. Schwarzengrund (66 strains, 6.9%), *S*. Infantis (45 strains, 4.7%), *S*. Bareilly (43 strains, 4.5%), *S*. Panama (32 strains, 3.3%), *S*. Bovismorbificans (24 strains, 2.5%), *S*. Stanley (17 strains, 1.8%), *S*. Montevideo (12 strains, 1.2%), *S*. Othmarschen (4 strains, 0.4%), *S*. Newport (3 strains, 0.3%), and *S*. 6,7:d:- (7 strains, 0.7%). The primary serotypes responsible for major outbreaks were *S*. Enteritidis, *S*. Typhimurium, and *S*. Thompson, together accounting for 73.7% of cases (Figure 1B).

For sporadic acute diarrhea cases excluding outbreaks, the most frequently isolated serotypes were *S*. Enteritidis (360 strains, 19.4%), *S*. I 4,[5],12:i:- (295 strains, 15.9%), *S*. Infantis (213 strains, 11.5%), *S*. Typhimurium (209 strains, 11.3%), *S*. Bareilly (117 strains, 6.3%), and *S*. Thompson (94 strains, 5.1%). Notably, *S*. I 4,[5],12:i:- was not identified from outbreak cases but was isolated from acute diarrhea cases in surveillance programs, accounting for 295 strains (15.9%), making it the second most frequently isolated serotype after *S*. Enteritidis (19.4%) (Figure 1C).

A total of 31 imported *Salmonella* strains were identified from specimens originating in the Philippines, Thailand, and Japan, comprising 17 serotypes. The most frequent were *S*. Enteritidis (4 strains, 12.9%), *S*. Rissen (3 strains, 9.7%), and *S*. Weltevreden (3 strains, 9.7%). Two strains each (6.5%) of

Table 1. The serotype distribution of *Salmonella* isolated from diarrheal patients in the Republic of Korea, 2022–2024

Serotype	2022	2023	2024	Total	Isolation (%)
Salmonella Enteritidis	169	293	375	837	29.71
Salmonella Typhimurium	156	80	91	327	11.61
Salmonella I 4,[5],12:i:-	103	86	106	295	10.47
Salmonella Infantis	62	125	71	258	9.16
Salmonella Thompson	22	139	47	208	7.38
Salmonella Bareilly	42	71	47	160	5.68
Salmonella Schwarzengrund	2	69	1	72	2.56
Salmonella Stanley	16	33	15	64	2.27
Salmonella Bovismorbificans	3	11	26	40	1.42
Salmonella Panama		34	2	36	1.28
Salmonella Agona	11	13	10	34	1.21
Salmonella Othmarschen	2	5	20	27	0.96
Salmonella Livingstone	16	6	4	26	0.92
Salmonella Montevideo	1	6	13	20	0.71
Salmonella Saintpaul	10		9	19	0.67
Salmonella Braenderup	4	10	4	18	0.64
Salmonella Paratyphi B	5	8	2	15	0.53
Salmonella Rissen	3	2	10	15	0.53
Salmonella Schleissheim	11	2	2	15	0.53
Salmonella Typhi	9		3	12	0.43
Salmonella Virchow	9	3		12	0.43
Salmonella Lome	1	3	7	11	0.39
Salmonella Singapore		11		11	0.39
Salmonella Mbandaka	4	2	4	10	0.35
Salmonella Javiana	2	5	2	9	0.32
Salmonella Weltevreden		3	6	9	0.32
Salmonella Give	2	4	2	8	0.28
Salmonella Newport	2	4	2	8	0.28
Salmonella 6,7:d:-			8	8	0.28
Salmonella Derby		3	4	7	0.25
Salmonella Ohio	5	1		6	0.21
Salmonella Hindmarsh	2	2	1	5	0.18
Salmonella Mikawasima	5			5	0.18
Salmonella Sandiego		3	2	5	0.18
Salmonella Uganda	1		4	5	0.18
Salmonella -:r:1,5		4	1	5	0.18
Salmonella Chester		4		4	0.14
Salmonella Durban	3	1		4	0.14
Salmonella Heidelberg	3		1	4	0.14
Salmonella Hvittingfoss		1	3	4	0.14
Salmonella Kottbus		2	2	4	0.14
Salmonella Litchfield	1	1	2	4	0.14
Salmonella Paratyphi A		1	3	4	0.14
Salmonella 4,5,12:d:-	1		3	4	0.14
Salmonella Brandenburg	2		1	3	0.11

Table 1. Continued 1

Serotype	2022	2023	2024	Total	Isolation (%)
Salmonella Corvallis		1	2	3	0.11
Salmonella Dessau		3		3	0.11
Salmonella Eppendorf			3	3	0.11
Salmonella Hato	2	1		3	0.11
Salmonella Hillingdon	2		1	3	0.11
Salmonella Menston	3			3	0.11
Salmonella Narashino		2	1	3	0.11
Salmonella Senftenberg	1	1	1	3	0.11
Salmonella Treguier	1	1	1	3	0.11
Salmonella Worthington		1	2	3	0.11
Salmonella Anatum		1	1	2	0.07
Salmonella Augustenborg	1	1		2	0.07
Salmonella Bradford		1	1	2	0.07
Salmonella Chile			2	2	0.07
Salmonella Escanaba		2		2	0.07
Salmonella Gaminara			2	2	0.07
Salmonella Goldcoast	1	1		2	0.07
Salmonella Hartford	2			2	0.07
Salmonella Isangi		1	1	2	0.07
Salmonella Joal		2		2	0.07
Salmonella Kedougou		2		2	0.07
Salmonella Lagos		1	1	2	0.07
Salmonella Manhattan		2		2	0.07
Salmonella Mississippi	2			2	0.07
Salmonella Newmexico		2		2	0.07
Salmonella Orion		2		2	0.07
Salmonella Pomona	1	1		2	0.07
Salmonella Poona	2			2	0.07
Salmonella Soumbedioune	2			2	0.07
Salmonella Tanzania			2	2	0.07
Salmonella Tilene	2			2	0.07
Salmonella Urbana			2	2	0.07
Salmonella 6,7:y:-	1	1		2	0.07
Salmonella Aberdeen			1	1	0.04
Salmonella Agama	1			1	0.04
Salmonella Amoutive	1			1	0.04
Salmonella Bardo		1		1	0.04
Salmonella Blancmesnil			1	1	0.04
Salmonella Bristol			1	1	0.04
Salmonella Budapest			1	1	0.04
Salmonella Chichiri			1	1	0.04
Salmonella Denver		1		1	0.04
Salmonella Dieuppeul	1			1	0.04
Salmonella Dublin			1	1	0.04
Salmonella Eastbourne			1	1	0.04

Table 1. Continued 2

Serotype	2022	2023	2024	Total	Isolation (%)
Salmonella Fulda		1		1	0.04
Salmonella Gatow	1			1	0.04
Salmonella Hadar			1	1	0.04
Salmonella Harburg			1	1	0.04
Salmonella Havana			1	1	0.04
Salmonella Jamaica		1		1	0.04
Salmonella Jangwani		1		1	0.04
Salmonella Kentucky			1	1	0.04
Salmonella Larochelle		1		1	0.04
Salmonella Lawndale	1			1	0.04
Salmonella London		1		1	0.04
Salmonella Minnesota		1		1	0.04
Salmonella Mokola		1		1	0.04
Salmonella Muenster var. 15+			1	1	0.04
Salmonella Nessziona		1		1	0.04
Salmonella Nima			1	1	0.04
Salmonella Ordonez	1			1	0.04
Salmonella Oritamerin	1			1	0.04
Salmonella Potsdam			1	1	0.04
Salmonella Ruzizi			1	1	0.04
Salmonella Saphra		1		1	0.04
Salmonella Tananarive	1			1	0.04
Salmonella Tennessee	1			1	0.04
Salmonella Tsevie			1	1	0.04
Salmonella Victoria	1			1	0.04
Salmonella Virginia		1		1	0.04
Salmonella Wil	1			1	0.04
Salmonella II 6,7 : l, z28 : 1,5			1	1	0.04
Salmonella II 3,10:l,z28:1,5			1	1	0.04
Salmonella II [1],13,23:z29:1,5			1	1	0.04
Salmonella IV 43:z36,z38:-		1		1	0.04
Salmonella IIIb 47:r:z			1	1	0.04
Salmonella IIIb 50:k:z			1	1	0.04
Salmonella IIIb 53:z10:z35			1	1	0.04
Salmonella IIIb 61:i:z	1			1	0.04
Salmonella IIIb 61:l,v:z35	1			1	0.04
Salmonella -:k:1,5			1	1	0.04
Salmonella 15:y:1,6			1	1	0.04
Salmonella 16, l,v,-		1		1	0.04
Salmonella 61:z52:z50			1	1	0.04
Salmonella spp.	7	13	12	32	1.14
Total	733	1,108	976	2,817	100.00

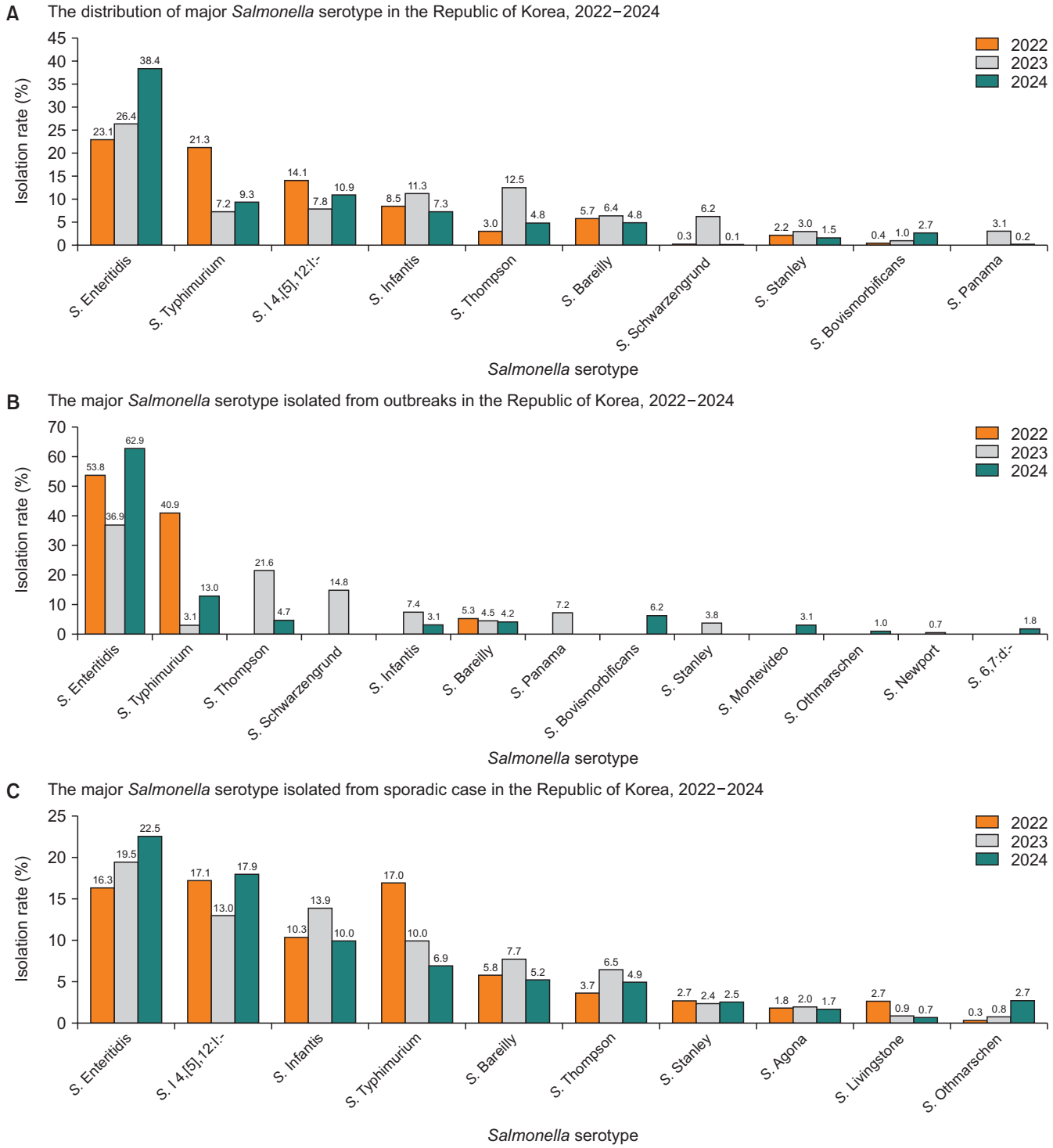

Figure 1. The distribution of major *Salmonella* serotype in the Republic of Korea, 2022–2024

S. Tanzania, *S.* Eppendorf, *S.* Agona, and *S.* Infantis were also detected. Single strain each (3.2%) of *S.* Anatum, *S.* Bradford, *S.* Fulda, *S.* Kottbus, *S.* Muenster var 15+, *S.* Nessziona, *S.* Stanley, *S.* Uganda, and *S.* 15:y:1,6 was identified, while *S.* spp. accounted for four strains (12.9%). No imported strains were detected from December 2019 through 2022 due to the

coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic, while imported cases were observed in 4 strains of 2023 and 27 strains of 2024 (Figure 2).

Regional analysis revealed the highest number of

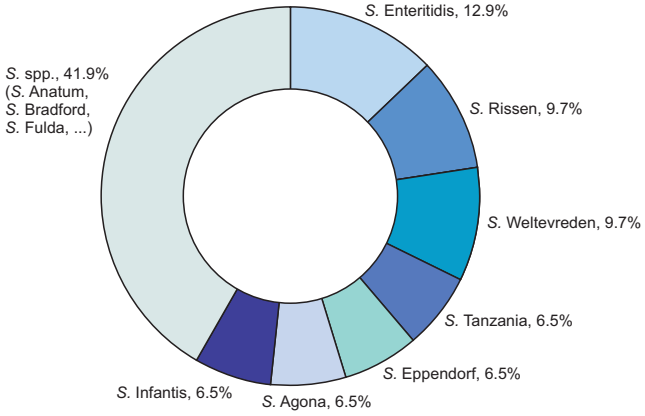

Figure 2. The serotype distribution of *Salmonella* isolated from diarrheal patients in returning traveles, airport and port waste-water, 2022–2024

Salmonella strains in Incheon (393 strains, 14.1%), followed by Gwangju (339 strains, 12.2%), Jeonnam (296 strains, 10.6%), Busan (289 strains, 10.4%), and Gyeongbuk (281 strains, 10.1%). *S*. Enteritidis showed particularly high isolation rates in Chungnam (64 strains, 98.5%), Ulsan (36 strains, 72.0%), Seoul (54 strains, 56.3%), Sejong (28 strains, 56.0%), and Gyeonggi (73 strains, 50.7%). High regional prevalence was also observed for *S*. Typhimurium in Chungbuk (14 strains, 63.6%), *S*. Infantis in Jeonbuk (24 strains, 29.6%), and *S*. Thompson in Jeju (43 strains, 27.7%) (Table 2).

The monthly isolation rate of *S.* spp. varied across the three years but consistently remained below 5% from February to April. Rates gradually increased from May to August and declined from October onward (Figure 3A). Among the six major serotypes, *S*. Enteritidis reached its annual peak in

Table 2. Regional serotype distribution of *Salmonella* in the Republic of Korea, 2022–2024

Region	*S*. Enteritidis	*S*. Typhimurium	*S*. I 4,[5],12:i:-	*S*. Infantis	*S*. Thompson	*S*. Bareilly	Other serotype	Total
Incheon	98 (24.9)	18 (4.6)	80 (20.4)	47 (12.0)	6 (1.5)	35 (8.9)	109 (27.7)	393 (14.1)
Gwanguju	66 (19.5)	26 (7.7)	53 (15.6)	39 (11.5)	26 (7.7)	31 (9.1)	98 (28.9)	339 (12.2)
Jeonnam	27 (9.1)	14 (4.7)	65 (22.0)	45 (15.2)	24 (8.1)	21 (7.1)	100 (33.8)	296 (10.6)
Busan	119 (41.2)	51 (17.6)	1 (0.3)	9 (3.1)	44 (15.2)	13 (4.5)	52 (18.0)	289 (10.4)
Gyeongbuk	96 (34.2)	52 (18.5)	17 (6.0)	32 (11.4)	16 (5.7)	21 (7.5)	47 (16.7)	281 (10.1)
Gyeongnam	61 (37.2)	14 (8.5)	12 (7.3)	13 (7.9)	12 (7.3)	2 (1.2)	50 (30.5)	164 (5.9)
Jeju	14 (9.0)	39 (25.2)	11 (7.1)	4 (2.6)	43 (27.7)	6 (3.9)	38 (24.5)	155 (5.6)
Gyeonggi	73 (50.7)	24 (16.7)	0 (0.0)	12 (8.3)	6 (4.2)	1 (0.7)	28 (19.4)	144 (5.2)
Daegu	11 (7.9)	22 (15.7)	23 (16.4)	10 (7.1)	25 (17.9)	6 (4.3)	43 (30.7)	140 (5.0)
Daejeon	54 (48.6)	14 (12.6)	11 (9.9)	3 (2.7)	0 (0.0)	3 (2.7)	26 (23.4)	111 (4.0)
Seoul	54 (56.3)	12 (12.5)	5 (5.2)	4 (4.2)	0 (0.0)	3 (3.1)	18 (18.8)	96 (3.4)
Gangwon	12 (12.9)	12 (12.9)	12 (12.9)	12 (12.9)	1 (1.1)	6 (6.5)	38 (40.9)	93 (3.3)
Jeonbuk	14 (17.3)	5 (6.2)	1 (1.2)	24 (29.6)	1 (1.1)	10 (12.3)	26 (32.1)	81 (2.9)
Chungnam	64 (98.5)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (1.5)	65 (2.3)
Ulsan	36 (72.0)	3 (6.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	9 (18.0)	50 (1.8)
Sejeong	28 (56.0)	7 (14.0)	3 (6.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	1 (2.0)	9 (18.0)	50 (1.8)
Chungbuk	4 (18.2)	14 (63.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (18.2)	22 (0.8)
Gyeonggi Bukbu	2 (11.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (17.6)	1 (5.9)	11 (64.7)	17 (0.6)

Unit: number (%).

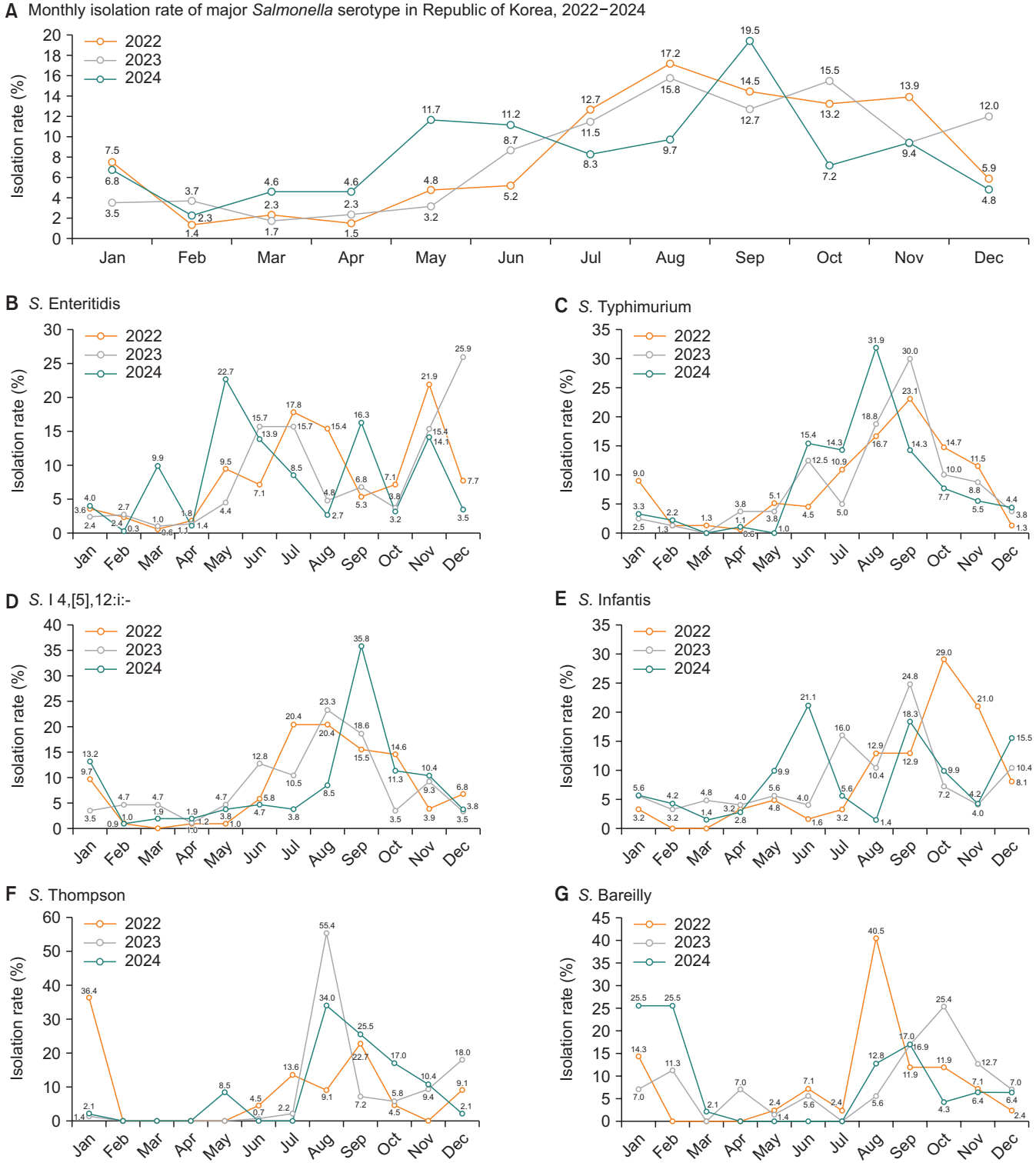

Figure 3. Monthly distribution of *Salmonella* serotype in the Republic of Korea, 2022–2024

November 2022 (37 strains, 21.9%), December 2023 (76 strains, 25.9%), and May 2024 (84 strains, 22.7%) (Figure 3B). Peaks for *S*. Typhimurium occurred in September 2022 and 2023 (36 strains, 23.1% and 24 strains, 30.0%), respectively and in August 2024 (29 strains, 31.9%) (Figure 3C). *S*. I 4,[5],12:i:- showed highest rates in July–August 2022 (21 strains, 20.4%), August 2023 (20 strains, 23.3%), and September 2024 (38 strains, 35.8%) (Figure 3D). *S*. Infantis peaked from August to November 2022 (12.9–29.0%), July to September 2023 (10.4–24.8%), and in June 2024 (21.1%) (Figure 3E). *S*. Thompson was not isolated from February to April for three consecutive years. In 2022, the highest isolation rate occurred in January with eight strains (36.4%). In 2023 and 2024, the highest isolation rates occurred in August with 77 strains (55.4%) and 16 strains (34.0%), respectively. (Figure 3F). *S*. Bareilly exhibited elevated isolation rates from August to October over the three-year period, with unusually high rates recorded in January and February 2024 at 25.5% (Figure 3G).

Discussion

This study analyzed the serotype distribution of *S.* spp. isolated from acute diarrhea patients and outbreaks associated with waterborne and foodborne infectious diseases in the Republic of Korea (ROK) from 2022 to 2024. Over this three-year period, the major domestic serotypes included *S*. Enteritidis, *S*. Typhimurium, *S*. I 4,[5],12:i:-, *S*. Infantis, *S*. Thompson, and *S*. Bareilly. Comparative analysis with previously reported domestic outbreaks [10] revealed that 1,872 *S.* spp. were collected from 2019 to 2021, whereas 2,817 strains were collected from 2022–2024, reflecting an increase of over 1,000 strains in the recent three-year period.

Although the overall serotype distribution trend remained similar, the proportion of *S*. Enteritidis, *S*. Typhimurium, and *S*. I 4,[5],12:i:- decreased slightly from over 55% to 51% of all isolates between 2022 and 2024. Specifically, the isolation rate of *S*. Enteritidis increased from 20.2% to 29.7%, while *S*. Typhimurium (19.1% to 11.6%) and *S*. I 4,[5],12:i:- (16.1% to 10.5%) decreased, indicating a relative reduction in the latter two serotypes. This shift may be attributed to the fact that outbreaks caused by *S*. Enteritidis dominated *Salmonella*-associated food poisoning events, driving the increase in both isolation rate and number of strains.

Globally, the primary *Salmonella* serotypes causing foodborne illness vary by region; however, *S*. Enteritidis, *S*. Typhimurium, and *S*. I 4,[5],12:i:- are consistently prevalent, reflecting trends similar to those observed in ROK [6]. *S*. Enteritidis is a leading cause of food poisoning in Europe, Asia, and parts of South America, where it is predominantly associated with eggs and poultry. *S*. Typhimurium is frequently reported in the United States, Africa, China, and other regions, with infection sources including pork, beef, and poultry. The prevalence of *S*. I 4,[5],12:i:- has recently increased in Europe and Asia, particularly in large-scale pork-associated outbreaks [11,12]. Other serotypes, including *S*. Infantis, *S*. Newport, *S*. Stanley, and *S*. Anatum, are increasingly implicated in mass food poisoning outbreaks and have been detected in various animal-derived and imported foods [13,14]. In ROK, *S*. I 4,[5],12:i:- was rarely detected in outbreak settings but exhibited high isolation rates among sporadic acute diarrhea cases captured through surveillance programs. These observations suggest potential shifts in serotype distributions in ROK in the future.

Following a decline in import cases due to the COVID-19

pandemic, both the number and diversity of serotypes in imported strains have gradually increased since 2023. Domestically, a wide range of serotypes, including *S*. Enteritidis, continues to dominate, while low-frequency serotypes, such as *S*. Fluda and *S*. Tanzania, as well as regionally common serotypes, such as *S*. Rissen and *S*. Weltevreden, have been detected [13]. This pattern reflects the impact of the resumption of international travel and increased global exchange since the end of 2019.

Seasonal trends in bacterial infections are influenced by temperature, with warmer months favoring bacterial growth [9]. Consistent with previous reports, *Salmonella* isolation rates were highest from June to September. However, in this study, rates began rising in May, remained elevated through August and September, and persisted at high levels until November. Sharp monthly increases in isolation rates, often associated with outbreaks, were also observed. Although trends varied by serotype, prolonged summer heat and global warming may be shifting seasonal patterns of infectious bacteria earlier than in previous years.

Geographically, metropolitan areas such as Incheon, Gwangju, and Busan exhibited relatively higher isolation frequencies. The predominant serotypes also varied by region, likely reflecting differences in outbreak patterns and surveillance data collection across areas.

Overall, the distribution of *Salmonella* serotypes in ROK mirrors global patterns, with *S*. Enteritidis, *S*. Typhimurium, and *S*. I 4,[5],12:i:- remaining the primary pathogens in acute diarrhea cases. Increased overseas travel, imported foods, and international border crossings have facilitated the introduction of previously unreported serotypes. Consequently, strains not yet classified by the Kauffmann-White scheme, including newly introduced foreign strains and unconfirmed domestic serotypes, are increasingly being identified. These findings underscore the importance of continuous surveillance to monitor serotype dynamics. This study provides foundational data to enhance pathogen surveillance systems, enabling timely identification of domestic *Salmonella* outbreaks and supporting rapid responses to infectious disease threats.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Data curation: HJJ, EKS. Formal analysis: HJJ, EKS. Supervision: EKS, JYK, JIY. Visualization: HJJ. Writing – original draft: HJJ, EKS. Writing – review & editing: EKS, JYK, JIY.

References

1. Billah MM, Rahman MS. *Salmonella* in the environment: a review on ecology, antimicrobial resistance, seafood contaminations, and human health implications. J Hazard Mater Adv 2024;13:100407.
2. Eng SK, Pusparajah P, Ab Mutalib NS, Ser HL, Chan KG, Lee LH. *Salmonella*: a review on pathogenesis, epidemiology and antibiotic resistance. Front Life Sci 2015;8: 284–93.
3. Lamichhane B, Mawad AMM, Saleh M, et al. Salmonellosis: an overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial resistant infections. Antibiotics (Basel) 2024;13:76.
4. Brenner FW, Villar RG, Angulo FJ, Tauxe R, Swaminathan B. *Salmonella* nomenclature. J Clin Microbiol 2000;

38:2465-7.
5. Grimont PAD, Weill FX. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. 9th ed. WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*, Institut Pasteur; 2007. p. 1-166.
6. Nazir J, Manzoor T, Saleem A, et al. Combatting *Salmonella*: a focus on antimicrobial resistance and the need for effective vaccination. BMC Infect Dis 2025;25:84.
7. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Guidelines for management of waterborne and foodborne infectious diseases. KDCA; 2025.
8. Food Safety Korea. Food poisoning statistics [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2025 [cited 2025 Jul 14]. Available from: https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/healthyfoodlife/foodPoisoningStat.do?menu_no=4425&menu_grp=MENU_NEW02
9. Hong M, Shin E, Kim J, Yoo J. Laboratory surveillance of waterborne and foodborne infectious disease causing bacteria in the Republic of Korea (2019–2022). Public Health Wkly Rep 2024;17:1941-55.
10. Jeong HJ, Shin E, Park J, Han J, Kim J, Yoo J. Trends in serotype distribution of *Salmonella enterica* isolated from diarrheal patients in Korea, 2019 to 2021. Public Health Wkly Rep 2022;15:2615-31.
11. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Samonellosis: annual epidemiological report for 2022 [Internet]. ECDC; 2024 [cited 2025 Jul 14]. Available from: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/SALM_AER_2022_Report.pdf
12. Wang T, Li W, Zhang R, et al. Epidemiological features of nontyphoidal *Salmonella* infections reported to foodborne disease surveillance system in China, 2013-2022. BMC Public Health 2025;25:2258.
13. Kumar G, Kumar S, Jangid H, Dutta J, Shidiki A. The rise of non-typhoidal *Salmonella*: an emerging global public health concern. Front Microbiol 2025;16:1524287.
14. Liao YS, Lauderdale TL, Chang JH, et al. Epidemiological trends in serotypes distribution and antimicrobial resistance in *Salmonella* from humans in Taiwan, 2004-2022. IJID Reg 2024;11:100372.

리뷰와 전망
eISSN 2586-0860
https://doi.org/10.56786/PHWR.2025.18.45.3

PHWR Public Health Weekly Report

신종 감염병 원인병원체 규명을 위한 PCR 기반 검사법 소개

안유정, 정채원, 이지은, 김은진*

질병관리청 진단분석국 신종병원체분석과

초 록

목적: 병원체의 지속적인 유전적 변이는 새로운 병원체로 인한 신종 감염병 발생 가능성을 높이며, 이에 따라 범용적 탐지가 가능한 진단 기술 개발의 필요성이 강조되고 있다. 본 논문에서는 신종 혹은 원인불명 감염병의 원인병원체를 규명하기 위한 pan-polymerase chain reaction (pan-PCR) 검사법과 multiplex PCR 검사법을 소개하고자 한다.

방법: 병원체 진단을 위한 pan-PCR 및 multiplex PCR 검사법의 연구·개발 및 실제 적용 사례를 소개하기 위하여 코로나바이러스감염증-19 팬데믹 이후 발간된 공중보건 및 PCR 기반 진단법 관련 최신 국내외 기관 보고서와 학술자료를 중심으로 종합적으로 살펴보였다.

결과: 두 기술은 신종 및 원인불명 감염병 사례에 효과적으로 대응할 수 있는 핵심 진단법으로 평가된다. Pan-PCR은 공통 유전자 보존 영역을 활용하여 미지 병원체의 초기 선별에, multiplex PCR은 다양한 병원체를 동시에 분별 및 진단할 수 있는 기술이며, 신종 감염병 원인병원체 규명에 상호보완적으로 활용될 수 있다.

결론: Pan-PCR과 multiplex PCR은 미래 감염병 위협에 선제적으로 대응하기 위한 PCR 기반의 핵심 진단 플랫폼이다. 두 기술은 각각 범용성과 특이성 방면의 강점을 살려 병행 활용함으로써, 신종 혹은 원인불명 감염병 진단 역량과 공중보건 감시 체계 강화에 기여할 수 있을 것이다.

주요 검색어: 신종 감염병; 병원체; 진단법 구축; PCR

서 론

코로나바이러스감염증-19(코로나19) 팬데믹을 계기로 새로운 병원체의 출현을 조기탐지할 수 있는 병원체 감시의 중요성과 유전자 진단 기술 고도화의 필요성이 한층 부각되었다[1,2]. 세계보건기구(World Health Organization, WHO)와 감염병혁신연합(Coalition for Epidemic Preparedness Innovations) 등 주요 국제 공중보건 기구는 향후 출현 가능한 신종 병원체인 'Pathogen X' 대응 전략의 핵심 요소로 범용적 병원체 진단법의 개발 및 도입을 강조하고 있다[3]. 또한 WHO는 감염병의 팬데믹 잠재성과 치료법 개발 가능성 등을 고려하여 연구개발 우선순위를 설정하고 병원체 목록을 발

Received October 2, 2025 Revised October 23, 2025 Accepted October 24, 2025
*Corresponding author: 김은진, Tel: +82-43-719-8140, E-mail: ekim@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an Open Access aritcle 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?

기존 병원체 진단은 알려진 병원체에는 높은 정확도를 보였지만, 변이 바이러스나 새로운 병원체 진단에는 한계가 있었다. 특히 공중보건 현장에서는 신속함과 범용성을 갖춘 진단법 개발 필요성이 꾸준히 제기되어 왔다.

② 새로이 알게 된 내용은?

Pan-polymerase chain reaction (pan-PCR) 검사법은 미지의 병원체에 대한 신속한 초기 스크리닝에, multiplex PCR 검사법은 다중 감염에 대한 동시 감별 진단에 특화된 장점을 통해 신종 병원체 진단 최전선에서 필수적인 핵심 진단 플랫폼으로서의 역할을 수행할 수 있다.

③ 시사점은?

향후 검사법 표준화 및 상시 운영 체계 구축을 통해 pan-PCR과 multiplex PCR을 고도화함으로써 공중보건 현장의 진단 역량을 강화한다. 이를 통해 국내 감염병 대응 체계의 안전성과 신뢰성을 높이며, 나아가 신종 감염병에 대한 선제 대응 능력을 크게 향상시킬 수 있을 것이다.

표하였으며, 이들의 출현여부를 탐지하기 위한 감시와 병원체 검사 기술, 백신과 치료제의 선제적 개발 등을 권고하고 있다[4]. 국내에서도 질병관리청이 신종감염병증후군을 제1급 감염병으로 지정 및 관리하고 있어, 향후 기존 진단 시약으로 검출할 수 없는 새로운 병원체를 대상으로 한 진단법 개발과 검증의 필요성이 더욱 강조되고 있다.

이러한 배경 속에서 다양한 진단 기술 중 신속성과 범용성을 동시에 충족 가능한 방법의 개발이 중요한 과제로 대두되고 있다. Next-generation sequencing (NGS) 검사법은 병원체의 유전체 정보를 포괄적으로 파악할 수 있어 진단과 연구에 큰 역할을 하지만, 높은 비용과 분석 시간 및 장비 요구도로 인해 현장 진단이나 대규모 검사에는 제한적이다[5]. 반면 polymerase chain reaction (PCR) 기반 검사법(표 1)은 빠른 결과 도출, 높은 민감도와 특이도, 장비 접근성 및 비용 효율성을 갖추고 있어 여전히 임상과 현장에서 핵심적인 진단 도구로 활용되고 있다. 특히 pan-PCR과 multiplex PCR은 각각 범용성과 다중성을 특징으로 하여, 감염병 조기 대응 및 대규모 감시체계 구축에 적합한 기술로 주목받고 있다[6,7].

Pan-PCR은 특정 과(family) 또는 속(genus) 내 보존 서열을 표적으로 하여 여러 아형과 변이, 재조합체뿐 아니라 아직 알려지지 않은 신종 및 변종 병원체까지 탐지할 수 있는 범용성을 지닌다[8]. 이는 아형 변화나 재조합, 변이 등 병원체의 다양성이 크거나 특히 아직 알려지지 않은 신종 및 변종, 'Pathogen X'와 같은 미지의 병원체를 조기에 발견하는 데 강점이 있으며, 변이나 재조합에 따른 신종 및 변종 감염병의 조기 탐지에 효과적인 진단 도구로 활용될 수 있다. 실제로 신종감염병인 코로나19로 인한 팬데믹 시 pan-PCR을 이용함으로써 단일 병원체 진단법의 한계를 보완하였고, 이와 더불어 범용 진단기술의 활용성과 필요성이 더욱 중요해졌다.

Multiplex PCR은 여러 특이적 프라이머 세트를 이용하여 다양한 병원체를 동시에 분별 및 진단이 가능한 기술로, 구체적이고 신속한 감별 진단에 효과적이다. 최근에는 단일 병원체에 국한되지 않고 복합 감염 사례가 증가하는 추세이며[9],

표 1. PCR 기반 검사법 간 특징 비교

구분	Conventional PCR	Pan-PCR	Multiplex PCR
대상 병원체 범위	단일 병원체 검출	동일 계통 내 다양한 병원체 동시 검출	여러 개별 병원체의 특정 유전자 동시 검출
프라이머 설계 기준	단일 병원체 특이적 프라이머	동일 계통 내 보존된 공통 유전자 영역 프라이머	각 병원체 별 특이적 프라이머
증폭 방식	단일 타겟 증폭	공통 영역 증폭	다중 타겟 증폭
활용 목적	단일 병원체 감염 진단	원인불명 병원체 조기 발견 및 스크리닝	다중 병원체 동시 감염 진단

PCR=polymerase chain reaction.

특히 호흡기 감염병은 병원체 간 상호작용과 빠른 변이 속도로 인해 기존 단일 진단법만으로는 한계가 존재한다. 이러한 상황에서 multiplex PCR은 복합 감염의 동시 진단과 감시 체계 강화에 기여하며, PCR 기반 다중 진단법 가운데 가장 널리 사용되는 플랫폼으로 자리매김하고 있다.

본 논문은 신종 감염병 대응을 위한 분자 진단 플랫폼으로서 pan-PCR과 multiplex PCR 기술의 전략적 가치와 현황을 분석하는 데 중점을 두었다. 이들 기술은 광범위한 병원체에 적용 가능하나, 본 리뷰에서는 변이가 적은 세균 또는 진균보다는 변이가 잦고 신종 출현 가능성이 높은 바이러스 병원체를 중심으로 기술하였다. Multiplex PCR의 적용 사례는 임상적 유용성이 입증된 대표적인 상용 패널을 중심으로 살펴보았다. 결과적으로, 신종 및 변종 병원체 출현과 복합 감염 증가라는 감염병 환경 변화 속에서 이들 PCR 기술은 기존 단일 진단법의 한계를 보완하고 조기 발견과 대응을 가능하게 하는 핵심 플랫폼으로 그 중요성이 커지고 있다. 본 논문은 pan-PCR과 multiplex PCR을 중심으로 국내외 진단 기술 개발 동향을 고찰하고, 각 기술의 역할, 한계, 향후 발전 방향을 제시함으로써 코로나19와 같은 신종 감염병 발생에 대비하여 효과적이고 선제 대응 체계 마련에 기여하고자 한다.

방 법

본 논문은 pan-PCR과 multiplex PCR 검사법의 국내외 연구 동향 및 구축 현황을 조사하기 위하여 PCR 기반 진단법 학술 문헌 내에 기술된 pan-PCR 및 multiplex PCR을 이용한 병원체별 검사법 현황을 참고하였다. 또한, 질병관리청, WHO, 미국질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention, CDC) 등 국내외 공중보건 기관에서 발행한 팬데믹 대응 관련 보고서 및 실제 진단 사례를 참고하여 리뷰하였으며 이를 통해 나아가야 할 방향과 전망을 제시하였다.

본 론

1. Pan-PCR 검사법 소개

1) Pan-PCR 검사법의 기술적 원리 및 한계

Pan-PCR은 동일 계통의 병원체 간 보존된 유전자 서열을 기반으로 진단용 프라이머를 설계하는 기술이다. 먼저 대상 병원체군의 유전체 데이터를 수집하여 다중 서열 정렬을 수행한 뒤, 이 중 높은 보존도를 가지는 유전자 영역을 식별한다. 이후 보존 서열 내에서 특이성과 증폭 효율을 고려한 프라이머 세트를 설계하며, 설계된 프라이머는 변이나 아형 수준의 차이가 존재하는 병원체를 포함한 증폭을 가능하게 한다. Pan-PCR은 원인불명 병원체의 조기 탐지 및 계통 확인에 유용함에도 불구하고, 명확한 병원체 종 규명에는 증폭 산물에 대한 시퀀싱과 같은 후속 분석 과정이 필요하다. 이는 진단에 필요한 총 소요 시간을 증가시키고 NGS 연계 비용을 유발할 수 있어 임상 현장 적용에는 제약 요인이 될 수 있다[10]. 또한 기존 세균성 병원체 진단은 16S ribosomal RNA와 같은 보존 유전자를 표적으로 활용해 광범위한 검출이 가능하나, 바이러스의 경우 유전체 다양성과 빠른 변이 속도, 공통 유전자 부재 등으로 인해 범용 진단이 어렵다는 한계가 존재한다. 이에 따라 pan-PCR은 동일한 병원체 과 중심의 검출 전략으로 개발되었으며, 전 세계 주요 보건 기관들이 이 기술을 감염병 감시와 대응 체계에 적극 도입하고 있다.

2) Pan-PCR 검사법 적용

(1) 코로나바이러스

벨기에 루뱅 대학교의 의학연구소에서 연구된 pan-coronavirus PCR 검사법은 RNA-dependant RNA polymerase (RdRp) 유전자 내 고보존 영역을 표적으로 하여 여러 유전적 변이를 포함한 다양한 코로나바이러스 계열을 포괄적으로 탐지할 수 있는 것이 특징이다. 실제로, 본 기술은 사스, 메르스 및 기타 다양한 코로나바이러스에 대해 모두 높은 검출률을 보이며, 병

원체 유전자 변이에 영향이 적은 것으로 보고되었다[11].

(2) 파라믹소비리대, 뉴모비리대

네덜란드 로테르담 의료센터에서 연구된 pan-paramyxoviridae PCR 검사법은 파라믹소비리대(*paramyxoviridae*)와 뉴모비리대(*pneumoviridae*)에 속하는 바이러스의 RdRp 유전자 내 보존 영역을 표적으로 하는 단일 프라이머 세트를 사용하여 동시에 검출할 수 있어 높은 범용성을 가진다. 실제로 해당 기법은 야생 조류 샘플에서도 활용되어 avian metapneumovirus를 포함한 다양한 병원체를 탐지하는 데 성공하였다[12].

(3) 필로비리대

Pan-*Filoviridae* PCR 검사법은 주로 에볼라바이러스와 마버그바이러스를 포함한 포유류 감염 필로바이러스를 광범위하게 검출할 수 있다. 남아프리카 공화국 국립감염병연구소에서 개발한 SYBR Green 기반 quantitative real-time PCR (qPCR) 방식과 미국 워싱턴 대학교의 의과대학에서 개발된 high-throughput real-time PCR (RT-PCR) 시스템이 각각 적용되어 실시간 감시뿐 아니라 대규모, 저농도 샘플 처리에도 효율적으로 대응할 수 있는 것이 장점으로 평가된다. 실제로 야생 박쥐를 대상으로 한 연구에서 이 검사법은 잠재적 병원체를 조기에 탐지하는 데 활용되었으며, 안정적인 성능을 입증하였다. 특히, 에볼라 및 마버그와 같은 고위험 바이러스의 지역사회 확산 방지를 위한 선제적 공중보건 대응 수단으로 그 중요성이 부각되고 있다[13,14].

(4) 기타 family, genus

노르웨이 국립보건원에서는 위장관 감염을 통한 유행을 일으키는 노로바이러스(norovirus)와 사포바이러스(sapovirus)를 포함한 주요 인체 감염 캘리시바이러스를 포괄적으로 탐지할 수 있는 검사법을 개발하였으며 본 연구에서는 해당 방법이 기존의 진단법 대비 신속성과 정확성 면에서 우수함을 보고하였다[15].

독일 베를린 생물안전센터에서는 플라비비리대의 유전정보 중 고도로 보존된 NS5 유전자 영역을 표적으로 하여 황열, 뎅기, 지카 바이러스 등 여러 플라비바이러스 병원체를 포괄적으로 탐지할 수 있으며, 특히 두 가지 바이러스가 동시에 유행하는 지역에서 효과적인 감시 도구로 활용될 수 있는 검사법을 개발하였다(표 2) [11-16].

3) Pan-PCR 기술의 국내외 활용 동향

Pan-PCR은 다양한 바이러스 병원체를 동시에 검출할 수 있는 고도화된 분자진단 기술로 최근 원인불명 감염병의 조기 탐지 및 대응 역량을 강화하기 위한 핵심 전략으로 부각되고

표 2. 병원체 family 별 Pan-PCR 검사법 적용 사례

병원체 family	국가 및 연구 기관	표적 유전자	주요 특징 및 역할	참고문헌
코로나비리대	벨기에 루뱅 대학교	RdRp	여러 유전적 변이를 포함한 다양한 코로나바이러스 계열 포괄 탐지, 유전자 변이에 영향이 적음	[11]
파라믹소비리대 & 뉴모비리대	네덜란드 로테르담 의료센터	RdRp	파라믹소비리대 및 뉴모비리대 동시 검출, 야생 조류 감시 등 높은 범용성	[12]
필로비리대	남아공 국립감염병연구소, 미국 워싱턴 대학교	Nucleoprotein	에볼라 및 마버그 등 고위험 필로바이러스 광범위 검출, 대규모/저농도 샘플 처리 효율적 대응	[13,14]
캘리시비리대	노르웨이 국립보건원	RdRp	노로바이러스, 사포바이러스 등 주요 인체 감염 캘리시바이러스를 포괄 탐지	[15]
플라비비리대	독일 베를린 생물안전센터	Non-structural protein	황열, 뎅기열, 지카 등 여러 플라비바이러스 포괄 탐지, 동시 유행 지역 감시 도구 활용	[16]

PCR=polymerase chain reaction; RdRp=RNA-dependent RNA polymerase.

있다.

질병관리청 또한 'Pathogen X' 대응 전략의 일환으로 국내 유입 가능성이 높은 13개의 바이러스 family를 중심으로 pan-PCR 검사법의 표준화 및 시범 구축을 추진하고 있다. 선정 기준은 해외 주요 공중보건 기관의 주목도, 감염 시 공중보건상 피해가 클 가능성이 높은 호흡기 전파성, 인수공통감염의 위험성, 국내 유입 및 발생 가능성 등 네 가지 항목을 기반으로 하였으며, 이를 통해 국내 감염병 대응 체계의 고도화에 기여할 수 있을 것이다. WHO는 다수의 출혈열 원인불명 병원체를 동시에 검출할 수 있는 pan-*Filovirus* PCR 검사법을 추진하고 있다. 실험실 기반 감시 체계의 구축뿐만 아니라 의료 인력의 역량 강화, 격리 시설 설치 등 종합적이고 지속 가능한 방역 대응 체계 마련을 위한 지원을 확대하고 있다[17].

또한, 인플루엔자 A형 바이러스의 공통 유전자인 matrix gene을 표적으로 하는 범용 RT-PCR 프로토콜을 제공하며, H5, H7 등 고병원성 조류인플루엔자 바이러스를 포함한 인플루엔자 A형의 조기 탐지 및 감시를 지원하고 있다[18]. 이는 인수공통감염병의 잠재적 위험성에 선제적으로 대응하기 위한 필수적인 검사 전략 중 하나이다. CDC 역시 pan-enterovirus, pan-parechovirus PCR 및 시퀀싱 분석을 통한 검출을 수행하여 감염병 대응 역량을 강화하고 있다[19].

2. Multiplex PCR 검사법 소개

1) Multiplex PCR 기술적 원리 및 한계

최근에는 다중 유전자 진단을 위해 인실리코 분석을 이용한 프라이머 설계 및 dimer (불필요한 프라이머 상호 결합) 평가, 최적화 방법들이 연구되고 있다. 2022년 *Nature Communications* 논문에서 제안된 Simulated Annealing Design using Dimer Likelihood Estimation 방법은 multiplex PCR 프라이머 세트를 설계할 때 프라이머 간의 dimer 형성을 최소화하기 위한 알고리즘적 접근을 중심으로 하여 앰플리콘 증폭의 타깃 효율성과 균등성 또한 최적화한다. 이 방법은 qPCR 패널 설계 및 Sanger sequencing과 연계하는 응용에서도 활용 가능하다고 발표되었다[20]. 그러나 multiplex PCR 검사법은 바이러스의 지속적인 변이로 인해 검사 민감도가 감소할 수 있다는 한계가 있다. 이는 다수의 프라이머 세트 간 상호 결합으로 인한 증폭 효율 영향과 더불어, 프라이머 부위에서 발생하는 단일 염기 변이가 검사법의 민감도를 급격히 저하시킬 수 있기 때문이다[21].

2) Multiplex PCR 검사법 적용

Multiplex PCR 기술은 전 세계적으로 감염병 조기진단 및 다중 병원체 동시 검출을 위한 핵심 수단으로 주목받고 있으며, 다양한 국가에서 연구개발 및 상용화가 활발히 이루어지고 있

표 3. 국가별 multiplex PCR 검사법 적용 사례

국가	적용 사례	대상 병원체	특징
독일	FTD Respiratory Pathogens Assay	인플루엔자 A/B, 파라인플루엔자, 아데노바이러스, 코로나바이러스 등 총 16종	다중 튜브 형식으로 16종 호흡기 바이러스 동시 검출
미국	FilmArray Respiratory	총 22종 호흡기 병원체/바이러스 8종, 세균 18종, 항생제 내성 유전자 7종	BioFire Diagnostics사의 FilmArray Respiratory Panel로 대만, 일본 등 세계적으로 사용
중국	다중 RT-PCR+MassARRAY	바이러스 및 세균 포함 총 27종	RT-PCR 후 MassARRAY로 증폭 산물 정량 분석, 복합 감염 진단 가능
한국	PowerChek SARS-CoV-2, Influenza A & B multiplex real-time PCR Kit	SARS-CoV-2 및 인플루엔자 A & B	국제 표준 대비 동등한 성능(>97% 일치율)으로 국내 진단 역량 강화

PCR=polymerase chain reaction; FTD=fast track diagnostics; RT-PCR=real-time PCR; SARS-CoV-2=severe acute respiratory syndrome coronavirus 2.

다. 특히 각국은 공공 감시 체계와 임상 현장에서 이 기술을 적용하여 감염병 대응의 속도와 정확성을 높이고 있다(표 3).

독일에서는 호흡기 감염병 감시에 Fast Track Diagnostics Respiratory Pathogens Assay가 상용화되어 활용되고 있다. 이 검사법은 인플루엔자 A/B, 파라인플루엔자 바이러스, 아데노바이러스, 코로나바이러스(NL63, OC43 등)를 포함한 총 16종의 호흡기 바이러스를 다중 튜브 형식으로 검출할 수 있도록 설계되었다[22]. 미국 BioFire Diagnostics사에서 개발 및 상용화한 FilmArray Respiratory Panel은 바이러스 및 세균을 포함한 총 22개의 호흡기 병원체 동시 검출이 가능하며, 이는 대만 및 일본의 임상 현장 및 감시 체계에서 활용되고 있다[23]. 대만의 질병통제예방센터에서는 FilmArray Respiratory Panel 기반의 multiplex PCR 검사와 기존에 사용되던 conventional PCR을 동시 수행하여 비교 분석하였다. 결론적으로, multiplex PCR이 기존 검사법보다 훨씬 높은 양성률을 보였으며 다중 병원체 복합 감염 사례를 효과적으로 식별하여 호흡기 병원체의 감시 및 임상 진단에 활용될 수 있음을 입증하였다[24]. 일본에서는 나가사키 대학병원에서 급성 호흡기 감염 환자를 대상으로 FilmArray Respiratory Panel을 이용한 진단검사를 시행하였다. 이를 통해 인플루엔자 바이러스를 포함한 총 17종의 바이러스와 3종의 세균 병원체를 높은 특이도와 민감도로 검출할 수 있음을 확인하였다[25]. 또한, 폐렴 진단에 특화된 FilmArray Pneumonia Panel은 하기도 검체에서 바이러스 8종, 세균 18종, 항생제 내성 유전자 7종을 약 1시간 만에 동시 검출할 수 있다. 특히, 폐렴 원인균 중 임상적으로 중요한 15종의 세균에 대해 정량적 결과를 제공하며, 세균과 바이러스의 복합 감염을 신속하게 진단하고 치료 방향의 핵심적인 근거로 활용되었다[26]. 중국에서는 보다 광범위한 범위의 병원체 동시 검출을 위해 다중 RT-PCR과 질량분석기 기반 기술인 MassARRAY를 결합한 진단법이 개발되었다. 해당 기술은 바이러스와 세균을 포함한 총 27종의 호흡기 병원체를 단일 패널에서 검출할 수 있도록 설계되었으며, 이 방법은 중국 내 지역 보건소 및 병원에서 기존 PCR 기반 진단법 대비 높은 민감도와 특이도로 여러 병원체의 복합적 감염 시에도 다중 감염 진단이 가능하다[27]. 국내에서는 코로나19 팬데믹 이후 severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2)와 인플루엔자 바이러스 A/B를 동시에 검출하는 multiplex RT-PCR 진단 시약이 성공적으로 개발 및 상용화된 바 있다. 해당 검사법의 성능을 BioFire Respiratory Panel과 비교 평가한 연구 결과, 97% 이상의 높은 일치율을 보이며 동등한 성능을 입증하였다[28].

3) Multiplex PCR 기술의 국내외 활용 동향

국내외 원인불명 감염병을 진단하기 위한 multiplex PCR이 감염병 대응 역량을 강화하는 데 활용되고 있다. 특히 WHO, CDC 등은 이러한 기술을 공중보건 감시 및 진단에 적극 도입하고 있다.

질병관리청은 원인불명 감염병에 대한 선제적 실험실 대응 역량 확보를 위해 5개의 증후군(호흡기, 출혈열, 발진, 신경, 설사) 기반 다중검사를 수행하기 위한 패널을 개발 중에 있다. 국내 가금류에서 다빈도로 발생하는 4종(H5N1, H5N6, H5N8, H9N2)의 신속한 선별과 아형 감별을 단일 반응으로 동시에 수행할 수 있도록 기술을 설계하여 국내 감시 및 초기 방역 대응 역량을 강화하고 있다[29]. 또한, 특이적인 프라이머와 프로브를 사용하여 신종 인플루엔자(Influenza A(H1N1)pdm09 virus) 및 계절성 인플루엔자 5종을 단일 반응에서 동시에 검출 가능한 진단법을 개발하였다[30].

이러한 다각적인 진단 기술 개발 및 선제적 확보 노력은 미래 감염병의 잠재적 위험성에 선제적으로 대응하기 위한 핵심적인 전략이다. WHO는 다중 병원체의 동시 검출을 위한 진단법 개발을 적극 권장하며, 특히 호흡기 바이러스의 조기 진단 및 감시를 위해 인플루엔자 바이러스와 SARS-CoV-2를 동시 검출 가능한 multiplex RT-PCR 프로토콜을 제공하고 있다[31]. CDC는 Flu SC2 Multiplex Assay를 개발하여 상기도

및 하기도 검체에서 높은 정확도로 인플루엔자 A/B와 SARS-CoV-2를 동시에 검출할 수 있는 진단법을 제공하고 있다 [32].

결 론

본 논문은 신종 감염병 대응을 위한 분자 진단 플랫폼인 pan-PCR과 multiplex PCR 기술을 중심으로 그 전략적 가치와 현황을 분석하였다. 이들 기술은 변이 및 신종 출현 가능성이 높은 바이러스 병원체를 중점으로 유용성이 입증된 대표적인 상용 패널의 연구 · 개발 및 실제 적용 사례를 중심으로 리뷰하였다.

Pan-PCR은 유전자 보존 영역을 표적으로 하여 미지 및 신종 병원체에 대한 범용적 탐지 도구로서 역할을 수행하지만, 세부 종 규명을 위해서는 후속 분석이 필수적이라는 한계를 가진다. 또한, multiplex PCR은 인실리코 분석을 통한 최적화 등 기술적 고도화를 통해 다수 병원체의 동시 감별 및 복합 감염 진단에 탁월한 효율을 보이며, 국내에서 SARS-CoV-2 동시 진단 등 임상적 유용성을 성공적으로 입증하였다. 이들 기술은 최종적으로 NGS 기반의 유전체 분석과 연계하여 선별-확인-특성 분석으로 이어지는 효율적인 진단 흐름을 구축할 수 있으며, 이 두 기술은 미래 감염병 위협에 대한 신속성, 범용성, 특이성 요구를 동시에 충족시키기 위한 구체적인 기술적 진화 방향을 제시한다. Pan-PCR은 단순한 양성/음성 검출을 넘어, 증폭 산물을 곧바로 유전체 분석과 연계하는 방향으로 발전해야 한다. 보존 유전자 영역 기반의 증폭 정보를 신속하게 NGS 또는 Sanger sequencing과 연동하여 현장에서 'Pathogen X'의 계통을 빠르게 규명하는 시스템을 구축하는 것이 기술적 목표가 되어야 한다. 다수 병원체 동시 진단에 가장 널리 활용되는 multiplex PCR은 프라이머 디자인의 신뢰성을 높이는 것이 관건이다. 인실리코 최적화 알고리즘을 활용하여 프라이머 간 불필요한 상호 결합을 최소화하고, 높은 민감도와 특이도를 유지하면서도 진단가능한 병원체 패널을 국내 유행 및 유입 우선순위에 맞춰 확장해야 한다.

이와 같이 WHO, CDC 등 해외 공중 보건 기관에서 Pan-PCR 및 multiplex PCR 검사법을 기반으로 감염병 대응 관련 역량을 강화하는 것은 이들 기술이 미지 병원체의 초기 탐지 및 감염병 감시에 있어 공중보건 전략상 핵심적인 역할을 수행할 것으로 국제사회가 기대하고 있음을 시사한다. 이와 더불어 질병관리청에서도 미래 감염병 위협에 선제적으로 대응하고 국내 감시 역량을 고도화하기 위해 pan-PCR과 multiplex PCR 기술을 핵심적인 진단 수단으로 주목하고 있다. 2023년부터 'Pathogen X' 대응 전략의 일환으로 국내 유입 및 팬데믹 위험도가 높은 13개 바이러스 family를 우선 선정하여 pan-PCR 검사법 구축을 진행하고 있으며, 이와 동시에 multiplex PCR 검사법을 이용한 증상 기반 다중 검사용 패널을 개발하고 있다. Pan-PCR은 신종 또는 미지의 병원체 탐지와 국내 유입 위험군에 대한 1차 선별 상황에서 포괄성과 신속성을 제공하며, multiplex PCR은 다수 병원체의 동시 감별 진단과 복합 감염의 신속한 규명 등 특이성과 효율성이 요구되는 임상 상황에서 사용된다. 궁극적으로 질병관리청은 이

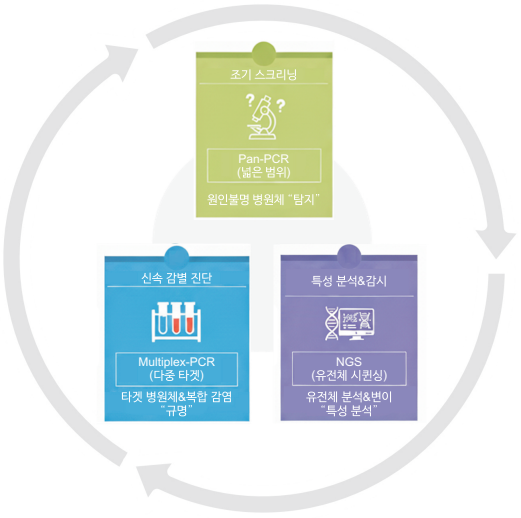

그림 1. 신종 감염병 및 원인불명 병원체 대상 검사 시스템
PCR=polymerase chain reaction; NGS=next-generation sequencing.

러한 두 기술의 유연한 연계 및 상호보완적 활용을 통해 진단 대응의 효율성을 극대화하고(그림 1), 신속한 환자 관리 및 효과적인 공중보건 대응을 가능하게 하는 진단 체계를 구축하는 것을 목표로 한다. 이러한 pan-PCR과 multiplex PCR 기반을 통한 분자 진단 기술의 고도화는 향후 발생할 수 있는 다음 팬데믹 상황에서 공중보건 진단 대응의 핵심적인 기능을 수행할 것으로 기대된다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: YJA, CWJ. Data curation: YJA. Formal analysis: YJA. Investigation: YJA, CWJ, JER, EJK. Methodology: YJA. Project administration: JER, EJK. Resources: YJA, CWJ, JER, EJK. Supervision: JER, EJK. Validation: JER, EJK. Visualization: YJA, CWJ. Writing – original draft: YJA, CWJ. Writing – review & editing: JER, EJK.

References

1. Akande OW, Carter LL, Abubakar A, et al. Strengthening pathogen genomic surveillance for health emergencies: insights from the World Health Organization's regional initiatives. Front Public Health 2023;11:1146730.
2. Al-Mandhari A, Barakat A, Abubakar A, Brennan R. Genomic sequencing for epidemic and pandemic preparedness and response: EMRO's vision and strategic interventions. East Mediterr Health J 2022;28:851-2.
3. World Health Organization (WHO), Coalition for Epidemic Preparedness Innovations (CEPI). CEPI and WHO urge broader research strategy for countries to prepare for the next pandemic [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/news/item/01-08-2024-cepi-and-who-urge-broader-research-strategy-for-countries-to-prepare-for-the-next-pandemic
4. World Health Organization (WHO). Prioritizing diseases for research and development in emergency contexts [Internet]. WHO; n.d. [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/activities/prioritizing-diseases-for-research-and-development-in-emergency-contexts
5. Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. Nat Rev Genet 2016;17:333-51.
6. Mackay IM, Arden KE, Nitsche A. Real-time PCR in virology. Nucleic Acids Res 2002;30:1292-305.
7. Elnifro EM, Ashshi AM, Cooper RJ, Klapper PE. Multiplex PCR: optimization and application in diagnostic virology. Clin Microbiol Rev 2000;13:559-70.
8. Millar D, Melki J. Diagnosis of viral families using a nucleic acid simplification technique. In: Sperança MA, editor. Dengue fever in a one health perspective - latest research and recent advances. IntechOpen; 2023. p. 111-138.
9. Kim D, Quinn J, Pinsky B, Shah NH, Brown I. Rates of co-infection between SARS-CoV-2 and other respiratory pathogens. JAMA 2020;323:2085-6.
10. Fuchs J, Kleine J, Schemmerer M, et al. varVAMP: degenerate primer design for tiled full genome sequencing and qPCR. Nat Commun 2025;16:5067.
11. Vijgen L, Moës E, Keyaerts E, Li S, Van Ranst M. A pan-coronavirus RT-PCR assay for detection of all known coronaviruses. Methods Mol Biol 2008;454:3-12.
12. van Boheemen S, Bestebroer TM, Verhagen JH, et al. A family-wide RT-PCR assay for detection of *paramyxoviruses* and application to a large-scale surveillance study. PLoS One 2012;7:e34961.
13. Coertse J, Mortlock M, Grobbelaar A, Moolla N, Markotter W, Weyer J. Development of a pan-*Filoviridae* SYBR Green qPCR assay for biosurveillance studies in bats. Viruses 2023;15:987.
14. Cui N, Perez YL, Hume AJ, et al. A high-throughput, polymerase-targeted RT-PCR for broad detection of mammalian filoviruses. Microbiol Spectr 2024;12:e0101024.
15. Stene-Johansen K, Grinde B. Sensitive detection of human *Caliciviridae* by RT-PCR. J Med Virol 1996;50:207-13.
16. Patel P, Landt O, Kaiser M, et al. Development of one-step

quantitative reverse transcription PCR for the rapid detection of *flaviviruses*. Virol J 2013;10:58.
17. World Health Organization (WHO). Disease outbreak news: 2014 - Guinea [Internet]. WHO; 2014 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2014_04_05_ebola-en
18. World Health Organization (WHO). WHO information for molecular diagnosis of influenza virus [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/molecular-detention-of-influenza-viruses/protocols_influenza_virus_detection_2024.pdf?sfvrsn=df7d268a_8
19. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Laboratory testing for non-polio enterovirus [Internet]. CDC; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.cdc.gov/non-polio-enterovirus/php/laboratories/index.html
20. Xie NG, Wang MX, Song P, et al. Designing highly multiplex PCR primer sets with Simulated Annealing Design using Dimer Likelihood Estimation (SADDLE). Nat Commun 2022;13:1881.
21. Beck AS, Lopareva EN, Hwang H, et al. Evaluation of the sensitivity of a measles diagnostic real-time RT-PCR assay incorporating recently observed priming mismatch variants, 2024. Euro Surveill 2024;29:2400410.
22. Bierbaum S, Forster J, Berner R, et al.; CAPNETZ study group. Detection of respiratory viruses using a multiplex real-time PCR assay in Germany, 2009/10. Arch Virol 2014;159:669-76.
23. Leber AL, Everhart K, Daly JA, et al. Multicenter evaluation of BioFire FilmArray Respiratory Panel 2 for detection of viruses and bacteria in nasopharyngeal swab samples. J Clin Microbiol 2018;56:e01945-17.
24. Chiu SC, Lin YC, Wang HC, et al. Surveillance of upper respiratory infections using a new multiplex PCR assay compared to conventional methods during the influenza season in Taiwan. Int J Infect Dis 2017;61:97-102.
25. Kaku N, Hashiguchi K, Iwanaga Y, et al. Evaluation of FilmArray Respiratory Panel multiplex polymerase chain reaction assay for detection of pathogens in adult outpatients with acute respiratory tract infection. J Infect Chemother 2018;24:734-8.
26. Murphy CN, Fowler R, Balada-Llasat JM, et al. Multicenter evaluation of the BioFire FilmArray Pneumonia/Pneumonia Plus Panel for detection and quantification of agents of lower respiratory tract infection. J Clin Microbiol 2020;58:e00128-20.
27. Zhao H, Yang Y, Lyu J, Ren X, Cheng W. Development and application of a method to detect 27 respiratory pathogens using multiplex RT-PCR combined with MassARRAY technology. BMC Infect Dis 2021;21:870.
28. Kim TY, Kim JY, Shim HJ, et al. Performance evaluation of the PowerChek SARS-CoV-2, influenza A & B multiplex real-time PCR kit in comparison with the BioFire Respiratory Panel. Ann Lab Med 2022;42:473-7.
29. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2024 KDCA white paper. KDCA; 2025.
30. Kang C, Lee JY, Choi JH, Kim MS, inventor; Korea Disease Control and Prevention Agency, assignee. The method for detecting pandemic and seasonal influenza virus using multiplex real-time RT-PCR. Korea Patent KR1012239440000. Jan 14, 2013.
31. World Health Organization. Information for the molecular diagnosis of influenza viruses [Internet]. World Health Organization; 2021 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/eqa-project/information-for-molecular-diagnosis-of-influenza-virus
32. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). CDC's influenza SARS-CoV-2 multiplex assay [Internet]. CDC; 2025 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.cdc.gov/flu/php/laboratories/influenza-sars-cov-2-multiplex-assay.html

Review & Perspective

Overview of PCR-based Diagnostic Assays for Emerging Infectious Disease Pathogens

Yu Jeong Ahn, Chaewon Jung, Jee Eun Rhee, Eun-Jin Kim*

Division of Emerging Infectious Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and analysis, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: Continuous genetic variation in pathogens enhances their infectious potential and promotes the emergence of infectious disease outbreaks, highlighting the need for diagnostic technologies capable of broad-range detection. Herein, we introduce pan-polymerase chain reaction (pan-PCR) and multiplex PCR assays to identify the causative agents of emerging or unknown infectious diseases.

Methods: To introduce the research, development, and practical applications of pan-PCR and multiplex PCR assays for pathogen diagnosis, a comprehensive review was conducted. The review focused on recent domestic and international institutional reports and academic literature on public health and PCR-based diagnostic methods. Literature published since the coronavirus disease 2019 pandemic was included.

Results: Both technologies have been recognized as core diagnostic approaches to effectively respond to emerging and unknown infectious diseases. Pan-PCR uses conserved gene regions for the initial screening of unknown pathogens, whereas multiplex PCR is used to simultaneously identify specific pathogens, including co-infection cases. These two technologies could be utilized complementarily to identify the causative agents of emerging infectious diseases.

Conclusions: Pan-PCR and multiplex PCR show promise as key diagnostic platforms to facilitate proactive responses in the face of infectious disease threats in the future. The simultaneous use of both technologies, capitalizing on their respective strengths in versatility and specificity, is likely to improve diagnostic capabilities for emerging or unknown infectious diseases and strengthen public health surveillance.

Key words: Emerging infectious diseases; Pathogens; Diagnostic techniques and procedures; Polymerase chain reaction

*Corresponding author: Eun-Jin Kim, Tel: +82-43-719-8140, E-mail: ekim@korea.kr

Introduction

The coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic has underscored the importance of pathogen surveillance systems that are capable of early detection of emerging infectious agents and the need to advance genetic diagnostic technologies [1,2]. Major international public health organizations, including the World Health Organization (WHO) and the Coalition for Epidemic Preparedness Innovations, have emphasized the development and implementation of universal diagnostic

Key messages

① What is known previously?

Conventional pathogen diagnosis shows a high accuracy for known pathogens; however, it is limited in its ability to diagnose variants or emerging pathogens. There is a growing need to develop diagnostic methods with rapid and broad-range detection capabilities.

② What new information is presented?

Pan-polymerase chain reaction (pan-PCR) specializes in the rapid early screening of unknown pathogens, whereas multiplex PCR enables the simultaneous differential diagnosis of co-infections. Both can serve as essential platforms at the forefront of diagnosing emerging pathogens.

③ What are implications?

The development of pan-PCR and multiplex PCR can be used to strengthen diagnostic capabilities in public health settings, significantly improving their ability to respond proactively to emerging infectious diseases.

methods for pathogens as the key components of strategies to prepare for potential future emerging infectious agents, referred to as "Pathogen X" [3]. The WHO has also established research and development priorities and released a list of pathogens based on factors such as pandemic potential and the feasibility of developing treatments. The organization recommends surveillance and pathogen testing technologies to detect the emergence of these listed pathogens, as well as the proactive development of vaccines and therapeutics [4]. In the Republic of Korea (ROK), the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has designated and managed novel infectious disease syndromes as Class 1 infectious diseases, further emphasizing the need to develop and validate diagnostic methods for new pathogens that cannot be detected using existing diagnostic reagents.

Against this background, the development of diagnostic methods that can achieve both rapidity and broad applicability has emerged as an important task among various diagnostic technologies. Next-generation sequencing (NGS) enables the comprehensive identification of pathogen genomic information and plays a major role in diagnosis and research; however, its high cost, long analysis time, and equipment requirements limit its use for on-site testing or large-scale screening [5]. In contrast, polymerase chain reaction (PCR)-based assays (Table 1) remain key diagnostic tools in clinical and field settings thanks to their rapid turnaround time, high sensitivity and specificity, accessibility of equipment, and cost-effectiveness. In particular, pan-PCR and multiplex PCR, characterized by their

Table 1. Comparative analysis of PCR-based assays

Criterion	Conventional PCR	Pan-PCR	Multiplex PCR
Target pathogen range	Detection of single pathogen	Simultaneous detection of diverse pathogens within the same family	Simultaneous detection of specific genes from multiple individual pathogens
Primer design criterion	Single pathogen-specific primers	Primers targeting conserved common gene regions within the same family	Specific primers for each pathogen
Amplification method	Single target amplification	Common region amplification	Multiple target amplification
Application purpose	Diagnosis of single pathogen infection	Early discovery and screening of unknown pathogens	Simultaneous diagnosis of multiple pathogen infections

PCR=polymerase chain reaction.

universality and multiplexing capability, respectively, have drawn attention as suitable technologies for early infectious disease response and large-scale surveillance systems [6,7].

Pan-PCR targets conserved sequences within a specific family or genus, providing broad applicability that enabled the detection of multiple subtypes, variants, recombinants, and even previously unknown or emerging pathogens [8]. This approach is particularly advantageous for the early identification of novel or variant pathogens, including "Pathogen X," where high genetic diversity, recombination, or mutation may occur. Therefore, pan-PCR can serve as an effective diagnostic tool for the early detection of new and variant infectious diseases arising from such genetic changes. During the COVID-19 pandemic, the use of pan-PCR helped overcome the limitations of single-pathogen diagnostic methods, further underscoring the importance and utility of universal diagnostic technologies.

Multiplex PCR uses multiple sets of specific primers to simultaneously detect and differentiate various pathogens, making it effective for precise and rapid differential diagnosis. Along with infections caused by a single pathogen, the number of co-infection cases has recently been increasing [9]. Importantly, respiratory infectious diseases present limitations for conventional single-pathogen diagnostic methods because of the interactions among pathogens and their high mutation rates. Under these circumstances, multiplex PCR contributes to the simultaneous diagnosis of co-infections and the strengthening of surveillance systems and has become the most widely used platform among PCR-based multiplex diagnostic methods.

This study focuses on analyzing the strategic value and current status of pan-PCR and multiplex PCR technologies as molecular diagnostic platforms for responding to emerging infectious diseases. Although these technologies can be applied to a wide range of pathogens, this review primarily discusses viral pathogens that exhibit frequent mutations and a higher likelihood of emerging as new infectious agents rather than bacteria or fungi, which tend to be more genetically stable. The cases of application of multiplex PCR are examined mainly through widely known commercial panels whose clinical utility has been demonstrated. In the changing landscape of infectious diseases characterized by the emergence of new and variant pathogens and an increase in co-infections, these PCR technologies are becoming increasingly important as the key platforms that complement the limitations of single-pathogen diagnostic methods and enable early detection and response. By reviewing the global and domestic trends in the development of diagnostic technologies focused on pan-PCR and multiplex PCR, this study aims to present the roles, limitations, and future directions of these methods, thereby contributing to the establishment of effective and proactive response systems for emerging infectious diseases such as COVID-19.

Methods

To examine the domestic and international research trends and implementation status of pan-PCR and multiplex PCR assays, this study referred to pathogen-specific diagnostic methods utilizing pan-PCR and multiplex PCR as described in academic literature on PCR-based diagnostics. In addition, pandemic response reports and diagnostic case studies published by national and international public health organizations, including the KDCA, WHO, and United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC), were reviewed. Based on these cases, this study presents insights into the future

directions and prospects for the development of these diagnostic technologies.

Results

1. Introduction to the Pan-PCR Assay

1) Technical principles and limitations of the pan-PCR assay

Pan-PCR is a technique that designs diagnostic primers based on the conserved gene sequences shared among pathogens within the same taxonomic lineage. The process begins by collecting genomic data from the target pathogen group and performing multiple sequence alignment to identify the gene regions with a high degree of conservation. Primers are then designed within these conserved regions, considering both specificity and amplification efficiency. The designed primers enable amplification even in pathogens that differ at the variant or subtype level. Although pan-PCR is useful for the early detection and phylogenetic identification of unknown pathogens, further analyses such as sequencing of the amplified products are required for precise species-level identification. This additional step increases the total diagnostic turnaround time and may incur costs associated with NGS linkage, which can be a limiting factor for clinical application [10]. In bacterial diagnostics, conserved genes such as 16S ribosomal RNA have been widely used as targets, allowing broad detection capability. However, in the case of viruses, universal detection is more challenging because of high genomic diversity, rapid mutation rates, and absence of common genes. Therefore, Pan-PCR has been developed as a detection strategy focused on pathogens within the same family, and major public health organizations worldwide are actively incorporating this technology into infectious disease surveillance and response systems.

2) Application of the pan-PCR assay

(1) Coronaviruses

The pan-coronavirus PCR assay developed by the Rega Institute for Medical Research at KU Leuven in Belgium targets a highly conserved region within the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) gene, enabling the comprehensive detection of various coronavirus lineages, including multiple genetic variants. In fact, this technique has demonstrated high detection rates for viruses of SARS, MERS, and diseases caused by other coronaviruses and has been reported to be minimally affected by genetic variations in the pathogen [11].

(2) *Paramyxoviridae* and *pneumoviridae*

The pan-*paramyxoviridae* PCR assay developed at the Erasmus Medical Center in Rotterdam, the Netherlands, uses a single primer set that targets a conserved region within the RdRp gene of viruses belonging to the *paramyxoviridae* and *pneumoviridae* families, allowing simultaneous detection with high universality. This method has also been successfully applied to wild bird samples, enabling the detection of various pathogens, including avian metapneumovirus [12].

(3) *Filoviridae*

The pan-*Filoviridae* PCR assay enables the broad detection of mammalian filoviruses, primarily Ebola virus and Marburg virus. SYBR green–based quantitative real-time PCR (qPCR) developed by the National Institute for Communicable Diseases in South Africa and the high-throughput real-time PCR (RT-PCR) system developed by the University of Washington School of Medicine in the United States have both

been applied, offering advantages in real-time surveillance and efficient processing of large-scale or low-concentration samples. In previous studies of wild bats, this assay has been used for the early detection of potential pathogens and has demonstrated reliable performance. Moreover, its value has been emphasized as a proactive public health tool for preventing community transmission of high-risk viruses such as Ebola and Marburg [13,14].

(4) Other families and genera

The Norwegian Institute of Public Health developed a diagnostic assay capable of comprehensively detecting major human-infecting Caliciviruses, including norovirus and sapovirus, which cause outbreaks through gastrointestinal infection. The study reported that the assay demonstrated superior speed and accuracy compared with existing diagnostic techniques [15].

At the Center for Biological Safety in Berlin, Germany, a pan-*Flaviviridae* PCR assay was developed targeting a highly conserved region of the NS5 gene, enabling the broad detection of multiple *Flavivirus* pathogens such as yellow fever virus, Dengue virus, and Zika virus. This assay is effective as a surveillance tool in regions where two or more of these viruses are co-circulating (Table 2) [11-16].

3) Global and domestic trends in the application of pan-PCR technology

Pan-PCR is an advanced molecular diagnostic technology capable of simultaneously detecting a wide range of viral pathogens. It has recently emerged as a key strategy to enhance the early detection and response capacity for infections of unknown origin.

The KDCA is promoting the standardization and pilot implementation of pan-PCR assays focusing on 13 viral families

Table 2. Application of pan-PCR assays by pathogen family

Pathogen family	Country or institution	Target gene	Features	Reference
Coronaviridae	University of Leuven, Belgium	RdRp	Broad detection of various coronavirus lineages including genetic variants; less affected by pathogen gene mutations	[11]
Paramyxoviridae & *pneumoviridae*	Erasmus Medical Center, Netherlands	RdRp	Simultaneous detection of *paramyxoviridae* and *pneumoviridae*; high versatility in wildlife surveillance (e.g., wild birds)	[12]
Filoviridae	NICD, South Africa; University of Washington, USA	Nucleoprotein	Broad detection of high-risk filoviruses (Ebola, Marburg); efficient for large-scale, low-concentration sample processing and real-time surveillance	[13,14]
Caliciviridae	Norwegian Institute of Public Health	RdRp	Comprehensive detection of major human caliciviruses, including norovirus and sapovirus, responsible for outbreaks	[15]
Flaviviridae	Berlin Centre for Biological Safety, Germany	Non-structural protein	Comprehensive detection of multiple *flaviviruses* (Yellow fever, Dengue, Zika); useful for surveillance in co-circulating regions	[16]

PCR=Polymerase chain reaction; RdRp=RNA-dependent RNA polymerase; NICD=National Institute for Communicable Diseases.

considered highly likely to be introduced into the country as part of its strategic preparedness for "Pathogen X." The selection criteria were based on four factors: the level of attention from major international public health organizations, potential public health impact due to respiratory transmissibility, zoonotic risk, and the likelihood of domestic introduction and occurrence. Through this initiative, the KDCA aims to contribute to the advancement of the national infectious disease response system. The WHO is also promoting the development of a pan-*Filovirus* PCR assay that can simultaneously detect multiple hemorrhagic fever pathogens of unknown origin. In addition to establishing laboratory-based surveillance systems, the WHO is expanding its support for strengthening the capacity of healthcare personnel, setting up isolation facilities, and developing comprehensive and sustainable epidemic response frameworks [17].

Furthermore, the WHO provides a universal RT-PCR protocol targeting the matrix gene common to influenza A viruses, facilitating the early detection and surveillance of influenza A, including highly pathogenic avian influenza subtypes such as H5 and H7 [18]. This represents one of the essential diagnostic strategies for proactively addressing the potential risks of zoonotic infectious diseases. Similarly, the CDC has enhanced its infectious disease response capabilities through the detection of pathogens using pan-enterovirus and pan-parechovirus PCR assays combined with a sequencing analysis [19].

2. Introduction to the Multiplex PCR Assay

1) Technical principles and limitations of multiplex PCR

Recently, studies have been conducted on primer design using an *in silico* analysis, evaluation of dimers (undesired primer–primer binding), and optimization methods for multigene diagnostics. A 2022 article in *Nature Communications* introduced the Simulated Annealing Design using Dimer Likelihood Estimation (SADDLE) method—an algorithmic approach for designing multiplex PCR primer sets that minimizes primer dimer formation while optimizing target amplification efficiency and uniformity. This method was also reported to be applicable to qPCR panel design and applications combined with Sanger sequencing [20]. However, the detection sensitivity of multiplex PCR assays may decline because of continuous viral mutations. This reduction is attributed not only to the decreased amplification efficiency caused by interactions among multiple primer sets but also to single-nucleotide variations occurring in primer-binding regions, which can substantially impair assay performance [21].

2) Application of the multiplex PCR assay

Multiplex PCR technology has attracted global attention as a key tool for the early diagnosis of infectious diseases and simultaneous detection of multiple pathogens. Research, development, and commercialization efforts are actively underway in several countries. Countries are applying this technology in public surveillance systems and clinical settings to improve the speed and accuracy of infectious disease response (Table 3).

In Germany, the Fast Track Diagnostics Respiratory Pathogens Assay has been commercialized and is being used for respiratory infectious disease surveillance. This assay is designed to detect a total of 16 respiratory viruses, including influenza A and B, parainfluenza virus, adenovirus, and coronavirus (e.g., NL63, OC43), using a multi-tube format [22]. The FilmArray Respiratory Panel, developed and commercialized by BioFire Diagnostics in the United States, enables the

Table 3. Global application of multiplex PCR assays

Country	Application	Target pathogens	Features
Germany	FTD Respiratory Pathogens Assay	Total of 16 types including Influenza A/B, parainfluenza, adenovirus, coronavirus (etc.)	Simultaneous detection of 16 respiratory viruses using a multi-tube format
USA	FilmArray Respiratory	Total of 22 respiratory pathogens/ 8 viruses, 18 bacteria, 7 antimicrobial resistance genes	BioFire Diagnostics FilmArray multiplex panel utilized globally (e.g., Taiwan, Japan)
China	Multiplex RT-PCR+MassARRAY	Total of 27 types including viruses and bacteria	Quantitative analysis of amplification products via MassARRAY after RT-PCR; capable of co-infection diagnosis
Republic of Korea	PowerChek SARS-CoV-2, Influenza A & B multiplex real-time PCR Kit	SARS-CoV-2 and Influenza A & B	Strengthens domestic diagnostic capacity with performance comparable to international standards (over 97% agreement)

PCR=polymerase chain reaction; FTD=fast track diagnostics; RT-PCR=real-time PCR; SARS-CoV-2=severe acute respiratory syndrome coronavirus 2.

simultaneous detection of 22 respiratory pathogens, including both viruses and bacteria. This panel is currently used in clinical settings and surveillance systems in Taiwan and Japan [23]. The Taiwan Centers for Disease Control conducted a comparative analysis by simultaneously performing multiplex PCR assays using the FilmArray Respiratory Panel and the conventional PCR assays previously in use. The study concluded that multiplex PCR assays demonstrated a significantly higher positive detection rate than conventional assays and effectively identified cases of multiple co-infections. These results confirmed the utility of multiplex PCR for both respiratory pathogen surveillance and clinical diagnosis [24]. In Japan, Nagasaki University Hospital conducted diagnostic testing using the FilmArray Respiratory Panel in patients with acute respiratory infections. The study confirmed that this method could detect a total of 17 viral and 3 bacterial respiratory pathogens with high specificity and sensitivity [25]. In addition, the FilmArray Pneumonia Panel, a system specialized for pneumonia diagnosis, can simultaneously detect 8 viral species, 18 bacterial species, and 7 antibiotic resistance genes from lower respiratory tract specimens within approximately 1 hour. Notably, it provides quantitative results for 15 clinically significant bacterial pathogens associated with pneumonia, enabling the rapid diagnosis of bacterial–viral co-infections and serving as a key reference for guiding treatment decisions [26]. In China, a diagnostic method combining multiplex RT-PCR with MassARRAY, a mass spectrometry–based technology, has been developed to enable the simultaneous detection of a broader range of pathogens. This assay is designed to detect a total of 27 respiratory pathogens, including both viruses and bacteria, within a single panel. Compared with conventional PCR-based diagnostic methods, the assay demonstrates higher sensitivity and specificity and allows for the accurate identification of multiple infections, even in cases of complex co-infection, in local health centers and hospitals across China [27]. In the ROK, following the COVID-19 pandemic, multiplex RT-PCR diagnostic reagents capable of simultaneously detecting severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and influenza

A/B viruses have been successfully developed and commercialized. A comparative study evaluating the performance of this assay against the BioFire Respiratory Panel demonstrated a concordance rate exceeding 97%, confirming equivalent diagnostic performance [28].

3) Global and domestic trends in the application of multiplex PCR

Multiplex PCR is utilized both domestically and internationally to strengthen infectious disease response capabilities through the diagnosis of infections with unknown etiologies. In particular, the WHO and CDC are actively incorporating this technology into public health surveillance and diagnostic systems.

The KDCA is currently developing panels for syndrome-based multiplex testing across five categories—respiratory, hemorrhagic, exanthematous, neurologic, and diarrheal—to strengthen proactive laboratory response capabilities for infections of unknown origin. To enhance national surveillance and early outbreak response, the agency has designed a system that enables the rapid screening and subtype differentiation of four avian influenza viruses frequently detected in domestic poultry (H5N1, H5N6, H5N8, and H9N2) within a single reaction [29]. In addition, a diagnostic assay has been developed that can simultaneously detect the pandemic influenza A (H1N1) pdm09 virus and five seasonal influenza subtypes within a single reaction using specific primers and probes [30].

Such multidimensional efforts to develop and preemptively secure diagnostic technologies represent a key strategy for proactively addressing the potential risks of future infectious diseases. The WHO strongly encourages the development of diagnostic methods capable of the simultaneous detection of multiple pathogens and provides a multiplex RT-PCR protocol for the concurrent detection of influenza viruses and SARS-CoV-2, particularly for the early diagnosis and surveillance of respiratory viruses [31]. The CDC has also developed the Flu SC2 Multiplex Assay, which enables the simultaneous detection of influenza A/B and SARS-CoV-2 with high accuracy from both upper and lower respiratory specimens [32].

Conclusion

This study analyzed the strategic value and current status of pan-PCR and multiplex PCR technologies as molecular diagnostic platforms for responding to emerging infectious diseases. Focusing on viral pathogens with high mutation rates and potential for novel emergence, this review examined the research, development, and practical applications of widely known commercial panels whose utility has been demonstrated.

Pan-PCR serves as a universal detection tool targeting conserved genetic regions, thereby enabling the identification of unknown and emerging pathogens; however, it requires additional analyses for precise species-level identification. Meanwhile, multiplex PCR has demonstrated excellent efficiency in the simultaneous differentiation of multiple pathogens and the diagnosis of co-infections through technical advancements such as *in silico* optimization. In the ROK, the clinical utility of multiplex PCR has been successfully validated through applications involving the simultaneous detection of SARS-CoV-2 and other pathogens. These technologies can ultimately be integrated with NGS-based genomic analysis to establish an efficient diagnostic workflow encompassing screening, confirmation, and characterization. Together, pan-PCR

and multiplex PCR represent specific directions for technological advancement aimed at simultaneously meeting the demands for rapidity, universality, and specificity in response to future infectious disease threats. Moving forward, pan-PCR should evolve beyond simple positive/negative detection toward the direct integration of amplified products with genomic analysis. The technological goal should be to establish a system that rapidly determines the phylogeny of "Pathogen X" in the field by quickly linking the amplification data from conserved gene regions to NGS or Sanger sequencing. For multiplex PCR, which remains the most widely used method for the simultaneous detection of multiple pathogens, enhancing the reliability of primer design is critical. By applying *in silico* optimization algorithms to minimize unnecessary primer–primer interactions, diagnostic panels can be expanded according to the priority of domestic prevalence and potential introduction, while maintaining high sensitivity and specificity.

As such, the efforts by international public health organizations such as the WHO and CDC to strengthen infectious disease response capabilities based on pan-PCR and multiplex PCR assays indicate the global recognition of these technologies as key public health tools for the early detection and surveillance of unknown pathogens. In addition, the KDCA is focusing on pan-PCR and multiplex PCR as key diagnostic tools to proactively respond to future infectious disease threats and enhance domestic surveillance capacity. Since 2023, as part of the Pathogen X response strategy, the agency has been developing pan-PCR assays for 13 viral families prioritized based on their high risk of domestic introduction and pandemic potential, while simultaneously developing syndrome-based multiplex test panels utilizing multiplex PCR technology. Pan-PCR provides breadth and rapidity for the detection of novel or unknown pathogens and for the primary screening of high-risk groups with potential for domestic introduction. In contrast, multiplex PCR is used in clinical settings that require specificity and efficiency, such as the simultaneous differential diagnosis of multiple pathogens and the rapid identification of co-infections. Ultimately, the KDCA aims to maximize diagnostic efficiency through the flexible integration and complementary use of these two technologies (Figure 1), thereby establishing a diagnostic system that enables rapid patient management and effective public health response. The advancement of molecular diagnostic technologies based on pan-PCR and multiplex PCR is expected to play a pivotal role in public health diagnostics in case of future pandemics.

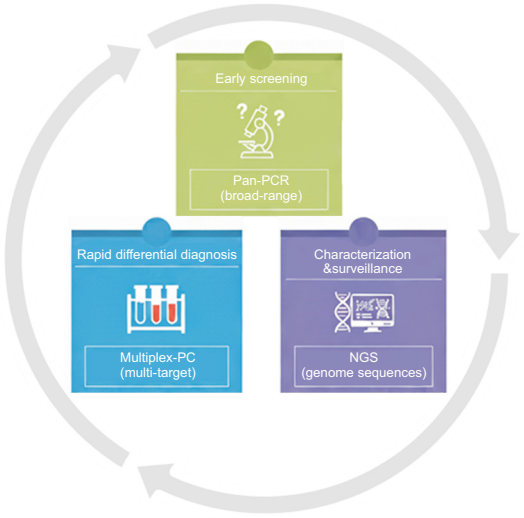

Figure 1. Diagnostic system for emerging and unknown pathogens
PCR=polymerase chain reaction; NGS=next-generation sequencing.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: YJA, CWJ. Data curation: YJA. Formal analysis: YJA. Investigation: YJA, CWJ, JER, EJK. Methodology: YJA. Project administration: JER, EJK. Resources: YJA, CWJ, JER, EJK. Supervision: JER, EJK. Validation: JER, EJK. Visualization: YJA, CWJ. Writing – original draft: YJA, CWJ. Writing – review & editing: JER, EJK.

References

1. Akande OW, Carter LL, Abubakar A, et al. Strengthening pathogen genomic surveillance for health emergencies: insights from the World Health Organization's regional initiatives. Front Public Health 2023;11:1146730.
2. Al-Mandhari A, Barakat A, Abubakar A, Brennan R. Genomic sequencing for epidemic and pandemic preparedness and response: EMRO's vision and strategic interventions. East Mediterr Health J 2022;28:851-2.
3. World Health Organization (WHO), Coalition for Epidemic Preparedness Innovations (CEPI). CEPI and WHO urge broader research strategy for countries to prepare for the next pandemic [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/news/item/01-08-2024-cepi-and-who-urge-broader-research-strategy-for-countries-to-prepare-for-the-next-pandemic
4. World Health Organization (WHO). Prioritizing diseases for research and development in emergency contexts [Internet]. WHO; n.d. [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/activities/prioritizing-diseases-for-research-and-development-in-emergency-contexts
5. Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. Nat Rev Genet 2016;17:333-51.
6. Mackay IM, Arden KE, Nitsche A. Real-time PCR in virology. Nucleic Acids Res 2002;30:1292-305.
7. Elnifro EM, Ashshi AM, Cooper RJ, Klapper PE. Multiplex PCR: optimization and application in diagnostic virology. Clin Microbiol Rev 2000;13:559-70.
8. Millar D, Melki J. Diagnosis of viral families using a nucleic acid simplification technique. In: Sperança MA, editor. Dengue fever in a one health perspective - latest research and recent advances. IntechOpen; 2023. p. 111-138.
9. Kim D, Quinn J, Pinsky B, Shah NH, Brown I. Rates of co-infection between SARS-CoV-2 and other respiratory pathogens. JAMA 2020;323:2085-6.
10. Fuchs J, Kleine J, Schemmerer M, et al. varVAMP: degenerate primer design for tiled full genome sequencing and qPCR. Nat Commun 2025;16:5067.
11. Vijgen L, Moës E, Keyaerts E, Li S, Van Ranst M. A pan-coronavirus RT-PCR assay for detection of all known coronaviruses. Methods Mol Biol 2008;454:3-12.
12. van Boheemen S, Bestebroer TM, Verhagen JH, et al. A family-wide RT-PCR assay for detection of *paramyxoviruses* and application to a large-scale surveillance study. PLoS One 2012;7:e34961.
13. Coertse J, Mortlock M, Grobbelaar A, Moolla N, Markotter W, Weyer J. Development of a pan-*Filoviridae* SYBR Green qPCR assay for biosurveillance studies in bats. Viruses 2023;15:987.
14. Cui N, Perez YL, Hume AJ, et al. A high-throughput, polymerase-targeted RT-PCR for broad detection of mammalian filoviruses. Microbiol Spectr 2024;12:e0101024.
15. Stene-Johansen K, Grinde B. Sensitive detection of human *Caliciviridae* by RT-PCR. J Med Virol 1996;50:207-13.
16. Patel P, Landt O, Kaiser M, et al. Development of one-step quantitative reverse transcription PCR for the rapid detection of *flaviviruses*. Virol J 2013;10:58.
17. World Health Organization (WHO). Disease outbreak news: 2014 - Guinea [Internet]. WHO; 2014 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2014_04_05_ebola-en
18. World Health Organization (WHO). WHO information for molecular diagnosis of influenza virus [Internet]. WHO; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/molecular-detention-of-influenza-viruses/protocols_influenza_virus_detection_2024.pdf?sfvrsn=df7d268a_8
19. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Laboratory testing for non-polio enterovirus [Internet]. CDC; 2024 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.cdc.gov/non-polio-enterovirus/php/laboratories/index.html
20. Xie NG, Wang MX, Song P, et al. Designing highly multiplex PCR primer sets with Simulated Annealing Design

using Dimer Likelihood Estimation (SADDLE). Nat Commun 2022;13:1881.
21. Beck AS, Lopareva EN, Hwang H, et al. Evaluation of the sensitivity of a measles diagnostic real-time RT-PCR assay incorporating recently observed priming mismatch variants, 2024. Euro Surveill 2024;29:2400410.
22. Bierbaum S, Forster J, Berner R, et al.; CAPNETZ study group. Detection of respiratory viruses using a multiplex real-time PCR assay in Germany, 2009/10. Arch Virol 2014;159:669-76.
23. Leber AL, Everhart K, Daly JA, et al. Multicenter evaluation of BioFire FilmArray Respiratory Panel 2 for detection of viruses and bacteria in nasopharyngeal swab samples. J Clin Microbiol 2018;56:e01945-17.
24. Chiu SC, Lin YC, Wang HC, et al. Surveillance of upper respiratory infections using a new multiplex PCR assay compared to conventional methods during the influenza season in Taiwan. Int J Infect Dis 2017;61:97-102.
25. Kaku N, Hashiguchi K, Iwanaga Y, et al. Evaluation of FilmArray Respiratory Panel multiplex polymerase chain reaction assay for detection of pathogens in adult outpatients with acute respiratory tract infection. J Infect Chemother 2018;24:734-8.
26. Murphy CN, Fowler R, Balada-Llasat JM, et al. Multicenter evaluation of the BioFire FilmArray Pneumonia/Pneumonia Plus Panel for detection and quantification of agents of lower respiratory tract infection. J Clin Microbiol 2020;58:e00128-20.
27. Zhao H, Yang Y, Lyu J, Ren X, Cheng W. Development and application of a method to detect 27 respiratory pathogens using multiplex RT-PCR combined with MassARRAY technology. BMC Infect Dis 2021;21:870.
28. Kim TY, Kim JY, Shim HJ, et al. Performance evaluation of the PowerChek SARS-CoV-2, influenza A & B multiplex real-time PCR kit in comparison with the BioFire Respiratory Panel. Ann Lab Med 2022;42:473-7.
29. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2024 KDCA white paper. KDCA; 2025.
30. Kang C, Lee JY, Choi JH, Kim MS, inventor; Korea Disease Control and Prevention Agency, assignee. The method for detecting pandemic and seasonal influenza virus using multiplex real-time RT-PCR. Korea Patent KR1012239440000. Jan 14, 2013.
31. World Health Organization. Information for the molecular diagnosis of influenza viruses [Internet]. World Health Organization; 2021 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/eqa-project/information-for-molecular-diagnosis-of-influenza-virus
32. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). CDC's influenza SARS-CoV-2 multiplex assay [Internet]. CDC; 2025 [cited 2025 Sep 10]. Available from: https://www.cdc.gov/flu/php/laboratories/influenza-sars-cov-2-multiplex-assay.html

질병 통계
eISSN 2586-0860
https://doi.org/10.56786/PHWR.2025.18.45.4

PHWR
Public Health Weekly Report

청소년 신체활동 실천율 추이, 2015–2024년

청소년의 신체활동 실천율은 2024년 남학생 25.1%, 여학생 8.9%로 남학생은 2020년 이후 지속 증가 경향을 보였다. 2024년 기준 남학생의 신체활동 실천율은 여학생 대비 약 3배 높았고, 중학생과 고등학생 간 격차는 전년 대비 증가하였다(그림1, 2).

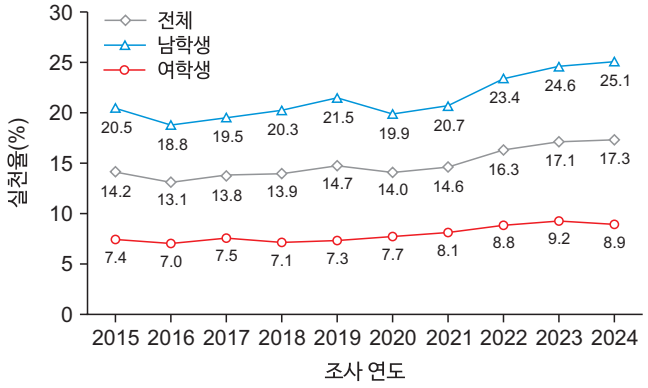

그림 1. 성별 신체활동 실천율 추이, 2015–2024년

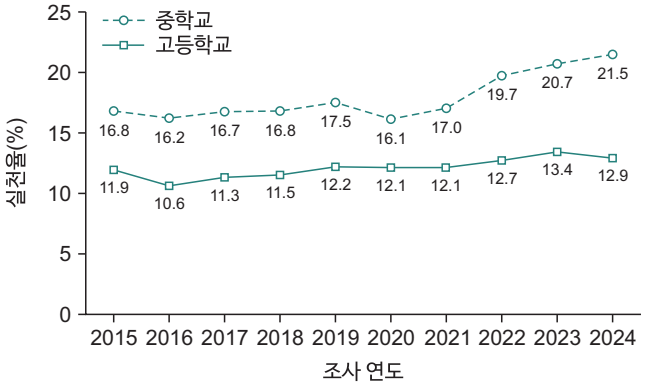

그림 2. 학교급별 신체활동 실천율 추이, 2015–2024년

*신체활동 실천율: 최근 7일 동안 운동종류 상관없이 심장박동이 평상시보다 증가하거나, 숨이 찬 정도의 신체활동을 하루에 총합이 60분 이상 한 날이 5일 이상인 사람의 분율

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

작성자: 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과 김양하

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency
This is an Open Access aritcle 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

QuickStats

Trends in the Proportion of Adolescents Engaged in Physical Activities, 2015–2024

The proportions of adolescent boys and girls engaged in physical activities in 2024 were 25.1% and 8.9%, respectively. The proportion among boys has shown a continuous increase since 2020. In 2024, the proportion of boys engaged in physical activities was three times higher than that of girls, and the gap between middle and high school students widened compared to the previous year (Figures 1, 2).

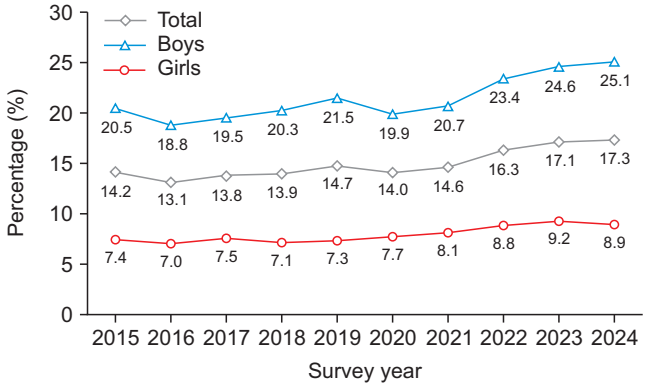

Figure 1. Trends in the proportion of adolescents engaged in physical activities by sex, 2015–2024

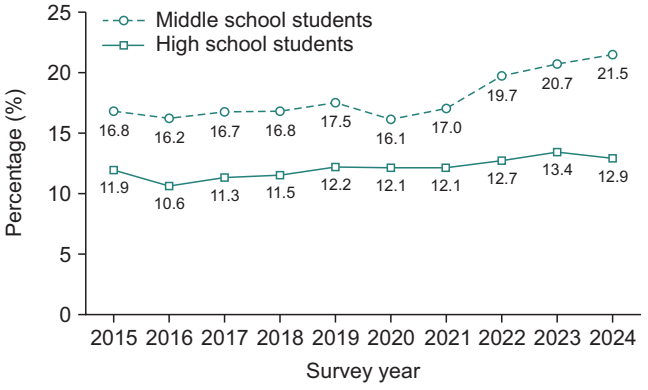

Figure 2. Trends in the proportion of adolescents engaged in physical activities by school levels, 2015–2024

*Proportion of engaged in physical activities: percentage of adolescents who engaged in physical activities that made their heart rate higher than usual or out of breath for a total of 60 minutes or more on 5 or more days in the last 7 days, regardless of the type of exercise.

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

Reported by: Yangha Kim, Division of Health and Nutrition Survey and Analysis, Department of Chronic Disease Prevention and Control, Korea Disease Control and Prevention Agency