



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 19, No. 26, July 9, 2026

Content

조사/감시 보고

- 1037 2021-2025년 국내 말라리아 진단 현황
- 1052 2023-2025년 국내 미보고 매개체 전파 바이러스 감시

리뷰와 전망

- 1069 2026년 크루즈선 안데스 한타바이러스 집단발병과 공중보건 대응

질병 통계

- 1092 유산소 신체활동 실천율 추이, 2015-2024년



KDCA

Korea Disease Control and
Prevention Agency

Aims and Scope

Public Health Weekly Report (Abbreviation: *Public Health Wkly Rep*, PHWR)는 질병관리청의 공식 학술지이다.

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

PHWR은 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. PHWR은 주로 국내의 공중보건 관련 정보를 제공하지만 전 세계 연구자들의 투고를 환영한다.

About the Journal

PHWR (eISSN: 3092-491X)은 질병관리청에서 발간하는 학술지이다.

PHWR은 연간 50호의 주간 발간 학술지로 매주 목요일에 발행되며, 신속한 전문가 심사 과정을 통해 정보를 적시에 공유한다. 또한, PHWR은 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

PHWR에 투고하고자 하는 모든 논문의 접수는 온라인 투고시스템(<https://www.phwr.org/submission>)을 통해서 가능하며 논문투고 시 필요한 모든 내용은 원고 투고 규정과 보고 지침을 참고한다. PHWR은 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: 2026년 7월 9일

발행인: 임승관

발행처: 질병관리청

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

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

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

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

편집위원장

최보울

한양대학교 의과대학

부편집인

곽진

전북대학교 의과대학

손현진

동아대학교 의과대학

하미나

단국대학교 의과대학

류소연

조선대학교 의과대학

염준섭

연세대학교 의과대학

박지혁

동국대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 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

박소희

연세대학교 보건대학원

박영준

질병관리청

백선경

질병관리청

송경준

서울대학교병원운영 서울특별시보라매병원

송진수

서울대학교 의과대학

신다연

이화여자대학교 신산업융합대학

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

이형민

질병관리청

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

고려대학교 보건대학원

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

권정민

질병관리청

김시우

질병관리청

김재홍

질병관리청

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

원고편집인

이문주

(주)메드랑

2021-2025년 국내 말라리아 진단 현황

정하늘 , 구보라 , 김일환 , 이희일*

질병관리청 진단분석국 매개체분석과

초 록

목적: 2021-2025년 질병관리청으로 의뢰된 말라리아 진단 현황을 분석하여 국내 말라리아 특성을 파악하는 것을 목적으로 한다.

방법: 질병관리청으로 의뢰된 말라리아 진단 검체는 민원(의료기관)과 관원(보건소 및 군 병원) 검체로 나누어 분류한다. 말라리아 확인 진단은 현미경 검사 또는 유전자 검출검사를 통해 이루어진다. 기생충혈증은 실시간 중합효소 연쇄 반응(real-time polymerase chain reaction, real-time PCR) cycle threshold (C_t) 값을 통한 계산식으로 추정하였다.

결과: 조사기간 동안 질병관리청에서 확보한 말라리아 양성 검체는 총 2,508건이었다. 국내 자체발생 삼일열말라리아가 96.2%를 차지하였고, 해외 유입 말라리아는 열대열말라리아 75.8%, 난형열말라리아 16.8%, 삼일열말라리아 5.3%, 열대열/난형열말라리아 혼합감염 2.1%로 확인되었다. 진단 의뢰기관은 보건소 비율이 2023년 58.9%로 가장 높았다가 감소한 반면, 2차 병원 비율은 점차 증가하여 2025년 43.8%의 비율을 보였다. 군 병원의 경우 2024년 26.8%에서 2025년 9.9%로 확연히 감소하였다. Real-time PCR C_t 값을 활용한 수식으로 기생충혈증을 계산한 결과 2024-2025년 대부분의 환자는 8,000/ μ l 이상의 값을 보였다.

결론: 말라리아 진단을 통한 종 구분과 기생충혈증 정보는 감염병 관리를 위한 필수적인 자료를 제공한다. 이번 연구는 말라리아 진단분석을 통해 국내 유행 현황에 대한 기초 정보를 제공하여 환자 관리를 원활하게 하고, 말라리아 퇴치에 활용될 수 있을 것으로 생각된다.

주요 검색어: 말라리아; 현미경 검사; 유전자 검출검사

서 론

말라리아는 *Plasmodium* 속 열원충에 감염된 암컷 얼룩 날개모기에 의해 전파되는 급성 열성질환으로, 세계 공중보건에 큰 영향을 미치는 질병이다[1]. 사람에게 감염되는 말라리아는 열대열원충(*Plasmodium falciparum*), 삼일열원충(*Plasmodium vivax*), 난형열원충(*Plasmodium ovale*), 사일

열원충(*Plasmodium malariae*), 원숭이열원충(*Plasmodium knowlesi*)이 알려져 있다[2]. 한국은 북한과 국경을 마주하고 있는 경기, 인천, 강원 등 일부 지역에만 삼일열말라리아가 토착화되어 있고, 이 외의 종은 모두 해외 유입으로만 발생한다[3]. 또한, 국내 삼일열말라리아는 간 내 휴면소체(hypnozoite)를 형성하여 최대 2년까지 잠복이 가능하다는 특징이 있다[4].

Received April 14, 2026 Revised May 22, 2026 Accepted June 1, 2026

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

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



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

핵심요약**① 이전에 알려진 내용은?**

한국은 북한 접경 지역을 중심으로 삼일열말라리아가 토착화되어 지속적인 환자 발생이 일어나고 있다. 이 외 감염되는 말라리아 원충은 모두 해외 유입이며 그 비율은 전체 보고환자 수 대비 3~4% 정도이다.

② 새로이 알게 된 내용은?

질병관리청은 2021~2025년간 국내 발생 말라리아 검체의 90.4%를 자원화했다. 진단 의뢰의 경우 보건소는 최고 58.9%에서 17.7%, 군 병원은 최고 26.8%에서 9.9%로 감소하였지만, 2차 병원은 8.7%에서 43.8%까지 증가하였다. 2024~2025년 환자를 대상으로 분석한 결과 국내 삼일열말라리아 환자 평균 cycle threshold (C_t) 값이 2024년 25.8에서 2025년 25.6으로 감소함에 따라 평균 기생충혈증도 72,870/μl에서 80,433/μl로 증가하였다.

③ 시사점은?

질병관리청은 말라리아 진단 현황 및 특성 분석을 통해 말라리아 퇴치를 위한 기초자료를 생산하고 있다. 국내 발생 환자에게 적합한 공중보건정책을 수립하기 위해 지속적인 감시 필요성이 시사된다.

국내 말라리아 환자 수는 2019년 559명, 2020년 385명, 2021년 294명, 2022년 420명, 2023년 747명, 2024년 713명, 2025년 601명으로 코로나바이러스감염증-19 유행과 함께 감소했다가 증감을 반복하는 추세를 보였다. 말라리아 확인 진단은 혈액에서 도말검사로 말라리아 원충을 직접 확인하는 현미경 검사법과 특이 유전자를 검출하는 유전자 검출 검사법이 있다. 2025년 기준 현미경 검사의 경우 질병관리청을 비롯한 7개 보건환경연구원(서울, 인천, 광주, 경기, 경기 북부, 강원, 충남)과 20개 보건소(가평군, 덕양구, 일산동구, 일산서구, 김포시, 남양주시, 포천시, 양주시, 연천군, 의정부시, 파주시, 강화군, 계양구, 미추홀구, 부평구, 서구, 중구, 고성군, 철원군, 인제군)를 중심으로 진행되고 있으며, 유전자 검출검사는 질병관리청, 권역별 질병대응센터, 17개 보

건환경연구원(서울, 부산, 대구, 인천, 광주, 대전, 울산, 세종, 경기 본원 및 북부지원, 강원, 충북, 충남, 전북, 전남 본원 및 동부지원, 경북, 경남, 제주)에서 진행하고 있다[5].

질병관리청 매개체분석과는 효율적인 국가 감염병 관리를 위해 말라리아 국가표준실험실을 운영하고 있다. 민·관원 진단을 포함하여 실험실 진단 교육과 숙련도평가 운영을 통해 참여기관의 진단 역량을 강화하고, 외부 숙련도평가 참여를 통해 자체 진단 능력 향상 및 결과의 신뢰성을 확보하고 있다. 또한, 국내 발생 말라리아 검체를 자원화하여 관리함으로써 진단 관리 컨트롤타워 역할을 하고 있다.

본 연구는 최근 5개년(2021~2025) 질병관리청 매개체분석과로 의뢰된 민·관원 진단과 자원으로 확보된 검체를 대상으로 진단 현황을 정리하여 국내 말라리아 발생 특성을 파악하고, 이를 통해 말라리아 퇴치 전략을 위한 기초자료를 제공하고자 한다.

방 법**1. 진단 의뢰**

질병관리청 매개체분석과는 「질병관리청 시험검사 등에 관한 고시」에 따라 감염병 발생과 관련한 검체에 대해 모두 검사 의뢰를 접수하고 있으며, 진단 검체의 경우 민원(의료기관)과 관원(보건소 및 군 병원)으로 나누어 관리하고 있다.

2. 자원화를 위한 검체 수집

진단 의뢰된 혈액 검체는 질병관리청 검체안정수송시스템을 통해 이송한다. 질병관리청으로 의뢰되지 않은 양성 검체는 의료기관 및 지역 보건소 협조를 통해 잔여 검체를 수집하고 자원화한다.

3. 말라리아 진단

이송된 혈액 검체를 대상으로 의뢰기관에서 요구하는 확

진 검사법에 따라 현미경 검사 혹은 유전자 검출검사를 감염 병 실험실 검사법 표준 절차서에 따라 진행하여 말라리아 감염 여부를 확인한다[6,7]. 현미경 검사의 경우 후층도말슬라이드(thick smear)에서 감염 여부를 판정하고, 박층도말 슬라이드에서 최소 100 시야를 관찰하여 종 감별을 진행한다. 유전자 검출검사는 이중중합효소연쇄반응법(nested polymerase chain reaction [PCR])으로 특이 유전자(18S ribosomal RNA)를 검출하고, 전기영동으로 결과를 판독한다. 진단 결과는 방역통합정보시스템을 통해 환류하고 있다.

4. 결과 및 양성 검체 특성 분석

결과 분석은 5년간(2021-2025) 질병관리청 매개체분석과에서 수행한 민·관원 의뢰와 자원 검체 확보 건을 취합하여 진단 현황을 파악하고, 의뢰기관별 현황을 정리하였다. 2024년 이후 현미경 검경을 통한 기생충혈증(parasitemia) 계산의 비효율성을 개선하기 위해 국내 삼일열말라리아 확진 검체를 대상으로 실시간 중합효소 연쇄 반응(real-time PCR) cycle threshold (C_t) 값을 통한 기생충혈증을 산출할 수 있는

계산식을 도입하였다. 기존 현미경 검사법과 동일하게 후층도말슬라이드를 검경하여 무성생식기 기생충(윤상체, 영양형, 분열체)을 기준으로 기생충혈증을 직접 확인하고, Log 값으로 계산된 기생충혈증과 C_t 값을 이용하여 회귀분석을 통해 수식($y=-0.2785x+11.689$, $R^2=0.8$)을 산출하였다. C_t 값 구간은 Madamet 등[8]을 인용하되 낮은 C_t 값에 편중된 검체 분포를 고려해 구간을 세분화하여 자료 분포 기반의 분석용 범주를 설정하였다.

결 과

2021-2025년 매개체분석과로 의뢰된 말라리아 유전자 검출검사는 민원 928건, 관원 1,113건으로 동기간 전체 신고 환자 수의 73.5%에 해당하는 비율로 확인되었다. 말라리아 환자가 전년 대비 급증한 2023년에 가장 많은 867건의 진단이 의뢰되었다(표 1). 5년간 민·관원을 합하여 2,041건의 진단이 진행되었고, 말라리아 양성 816건(40.0%), 음성 1,225건(60.0%)으로 결과를 환류하였다. 매개체분석과에서 확진

표 1. 2021-2025년 말라리아 진단 의뢰기관 현황

구분	2021년	2022년	2023년	2024년	2025년	계
보건소	126 (50.2)	184 (51.4)	511 (58.9)	66 (17.7)	41 (21.4)	928
군 병원	38 (15.1)	65 (18.2)	203 (23.4)	100 (26.8)	19 (9.9)	425
1차 병원	4 (1.6)	1 (0.3)	0 (0.0)	12 (3.2)	6 (3.1)	23
2차 병원	47 (18.7)	31 (8.7)	80 (9.2)	130 (34.9)	84 (43.8)	372
3차 병원	25 (10.0)	46 (12.8)	44 (5.1)	28 (7.5)	24 (12.5)	167
기타	11 (4.4)	31 (8.7)	29 (3.3)	37 (9.9)	18 (9.4)	126
계	251 (100.0)	358 (100.0)	867 (100.0)	373 (100.0)	192 (100.0)	2,041

단위: 건(%).

표 2. 2021-2025년 말라리아 검체 자원화 현황

구분	2021년	2022년	2023년	2024년	2025년	계
민원	양성/음성	86/30	101/47	174/154	196/21	664/264
관원	양성/음성	10/125	12/198	32/507	68/88	152/961
자원	양성	169	187	504	404	1,692
계	양성/음성	265/155	300/245	710/661	668/109	2,508/1,225

한 양성 816건과 병원에서 확진이 이루어진 자원 검체 1,692건을 확보하여 총 2,508건의 말라리아 양성 검체를 자원화하였다(표 2). 이는 동기간 국내 발생 말라리아 환자 2,775명의 90.4%에 해당하는 수치이다.

민·관원 및 자원화로 확보된 2,508건의 말라리아 양성 검체 중 96.2% (2,413건)는 국내 발생 삼일열말라리아였고, 나머지 3.8% (95건)는 해외 유입 말라리아로 확인되었다. 해외 유입 말라리아는 열대열말라리아 75.8% (72건), 난형열말라리아 16.8% (16건), 삼일열말라리아 5.3% (5건), 열대열/난형열말라리아 혼합감염 2.1% (2건) 순으로 우점을 차지하였다(그림 1).

민·관원 진단 의뢰기관별 현황은 2021-2023년까지는 보건소가 약 50%로 가장 높은 비율을 차지했지만 이후 약 19% 정도의 비율로 감소하는 양상을 보였다(표 1). 반면, 2차 병원 의뢰 현황은 8.7%에서 43.8%까지 지속적으로 증가하는 추세를 보였다. 군 병원의 경우 2021-2024년 15.1-26.8% 비율로 점점 의뢰 비율이 증가하였지만, 2025년 9.9%로 감소하였다.

기생충혈증 변화 양상을 분석하기 위해 2024-2025년

1-12월 발생한 삼일열말라리아 환자를 대상으로 real-time PCR을 수행하였다. 측정된 C_t 값을 통해 산출된 기생충혈증 정도는 혈액 내 원충수를 기준으로 6개 그룹으로 분류하였다(표 3). 조사된 2024년과 2025년 검체의 95% 이상은 2,000/ μ l 이상의 기생충혈증 값을 나타내었다. 국내 삼일열말라리아 환자의 평균 C_t 값은 2024년 25.8에서 2025년 25.6으로 감소했으며 그에 따라 평균 기생충혈증은 72,870/ μ l에서 80,433/ μ l로 증가하였다.

결론

질병관리청 매개체분석과는 말라리아 국가표준실험실을 운영하여 진단 결과 능력 향상 및 신뢰성 확보를 목표로 하고 있다. 지난 5년(2021-2025)간 국내 발생 말라리아 검체의 90.4%를 확보함으로써 검체 자원관리 또한 원활히 수행하고 있다.

한국은 삼일열말라리아만 유행하기 때문에 다른 종의 말라리아는 모두 해외 유입 말라리아로 분류할 수 있다. 매년 꾸준히 해외 유입 말라리아가 발생하고 있으며, 역학조사 결과

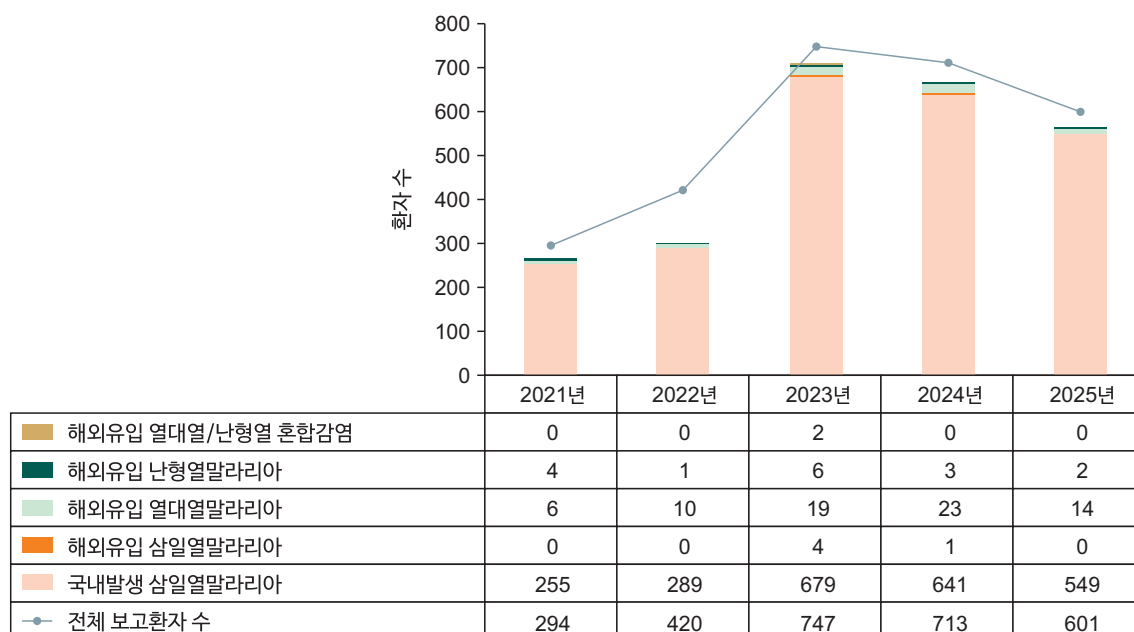


그림 1. 2021-2025년 말라리아 확인 진단 현황

표 3. 2024-2025년 국내 삼일열말라리아 환자의 C_t 값에 따른 기생충혈증 구분

구분		Class I	Class II	Class III	Class IV	Class V	Class VI	평균
Real time PCR C_t 값		$32.9 \leq C_t < 37$	$32.2 \leq C_t < 32.9$	$30 \leq C_t < 32.2$	$28 \leq C_t < 30$	$25 \leq C_t \leq 28$	$C_t < 25$	25.8
기생충혈증 (parasites/ μ l; P)		$P < 300$	$300 \leq P < 500$	$500 \leq P < 2,000$	$2,000 \leq P < 8,000$	$8,000 \leq P \leq 50,000$	$50,000 < P$	72,870
진수	2024년	3	3	23	60	273	247	-
	2025년	1	1	13	36	257	225	-
진단 소요일 (발병일-진단일)	2024년	15.6 ± 18.0	1.0 ± 1.4	6.7 ± 12.5	5.4 ± 4.4	7.0 ± 6.8	7.2 ± 6.9	6.9 ± 7.0
	2025년	0	0.3 ± 0.5	5.4 ± 5.3	5.1 ± 7.6	5.1 ± 7.9	3.9 ± 4.4	4.5 ± 6.2

PCR=polymerase chain reaction; C_t =cycle threshold.

대부분 아프리카를 방문한 이력이 있는 것으로 확인되었다. 해외 유입 말라리아의 경우 그 비율이 증가하는 추세를 보이 기 때문에 주의를 기울일 필요가 있다. 또한, 해외 유입을 통해 다른 유전형의 삼일열말라리아가 유입되는 경우가 있어 진단뿐만 아니라 지속적인 분자역학 감시가 중요할 것으로 생각 된다.

2021-2023년 보건소에서 가장 많은 진단을 의뢰하였고 음성 비율이 높았던 것으로 확인되었다. 이는 국내 말라리아 환자에 대해 치료 후 감염 여부를 확인하는 완치 조사 혹은 재 발 및 군집사례를 조기에 발견하기 위해 시행되던 가족 검사 등 말라리아 관리를 위한 선제적 조치로 진단이 의뢰되었기 때문이다. 그러나 해당 완치 조사 결과에서 반복적인 음성 결과 가 확인되었고, 추가적인 환자 관리 측면에서의 기여도가 제한적인 것으로 평가됨에 따라 2024년 완치 조사 의무화가 해제되었고 가족 검사 비율이 감소하면서 보건소 의뢰 진수도 함께 감소하였다. 현재 완치 조사는 환자 추적 관리 범주로 통합되어 필요 시 선별적으로 시행되는 추적조사 형태로 운영 되고 있다. 민간 의료기관(1차 및 2차 병원) 진단 의뢰 진수가 점차 증가한 이유는 말라리아 재퇴치실행계획에 따라 다양한 교육으로 지자체 업무 담당자와 진단검사 담당자의 역량을 강화하였고, 이를 통해 지역 보건소의 적극적인 검사 권장이 이루어졌기 때문으로 생각된다. 2023년 군 병원에서 진단 의뢰 가 많이 이루어졌던 이유는 파병군인 귀국 검사를 진행했기

때문이다. 이는 말라리아 증상을 보이지 않아도 선제적 조치 로 검사가 수행되었으며 대부분 음성으로 확인되었다. 2025 년 군 병원 의뢰가 9.9%로 감소한 이유는 국군의학연구소와 질병관리청으로 검체를 이송 송부해야 하는 군 병원의 부담을 줄이기 위해 국군의학연구소로 검사 의뢰를 일원화하였기 때 문이다. 민간 의료기관에서 진단되는 제대군인의 유행 분석 연속성을 위해 양 기관의 진단 결과 및 원충 유전자 정보는 공 유와 관련하여 협력을 강화하고 있다.

기생충혈증은 말라리아 감염 정도를 반영하는 주요 지표 로, 질환의 중증도 평가, 치료 반응 확인 및 예후 예측에 중요 한 정보를 제공한다. 또한 기생충혈증의 변화는 진단검사 결 과와의 연관성을 평가하는 데에도 유용하다. 말라리아 환자 의 기생충혈증을 계산하기 위해서는 현미경을 통해 후충도 말슬라이드를 검경해야 하는데 이는 시간이 오래 소요될 뿐 만 아니라 검사자의 숙련도가 결과에 큰 영향을 미칠 수 있 다. Real-time PCR이 보편화되면서 국내 말라리아 환자를 대 상으로 현미경 검경을 통해 확인한 기생충혈증과 real-time PCR C_t 값과의 상관관계를 수식으로 산출하는 연구가 진행 된 바 있다[9]. 매개체분석과도 2024, 2025년 검체를 활용하 여 Log 값으로 계산된 기생충혈증과 real-time C_t 값을 활용해 회귀분석으로 상관관계 수식($y = -0.2785x + 11.689$, $R^2 = 0.8$) 을 산출하였다. 이를 통해 양성 검체의 C_t 값을 통해 기생충혈 증을 추정할 수 있게 되었고, 향후 말라리아 유행 분석을 위

해 활용할 예정이다. 2024-2025년 국내 삼일열말라리아 환자는 대부분 C_t 값이 25 미만이거나 25-28 구간에 해당하는 것으로 확인되었다(표 3). 그러나 C_t 값이 32.2 이상(기생충혈증 2,000/ μ l 이하)인 저감염 사례도 종종 확인되었다. 2011년 국내 말라리아 환자 기생충혈증(평균 8,396/ μ l)을 확인한 연구에 따르면 기생충혈증이 12/ μ l로 확인된 저감염 사례가 과거에도 존재했다[10]. 저감염 사례는 상대적으로 낮은 기생충 밀도로 인해 진단 과정에서 검출이 어려울 수 있다. 따라서 지속적인 감시를 통해 기생충혈증 분포와 진단 양상의 변화를 모니터링하고, 이에 따른 진단 전략을 보완할 필요가 있다. 기생충혈증과 진단 소요일 사이의 관계를 보면 2025년에는 기생충혈증이 증가할수록 진단 소요일이 짧아지는 양상을 보이지만, 2024년에는 진단 소요일이 일정한 패턴을 보이지 않는 것을 확인할 수 있다. 이는 환자의 임상 증상 정도, 검사 시행 시점 등 다양한 요인이 영향을 미쳤을 것으로 생각된다. 또한, 평균적으로 기생충혈증이 증가한 2025년에 진단 소요일이 짧아졌지만, 이는 Class V와 VI 모집단 수가 너무 많아 일반화하기 어려운 결과이다(표 3). 아울러 진단 소요일은 검사 과정 외에도 환자의 의료기관 방문 시점, 검체 의뢰 과정 등 다양한 요인의 영향을 받을 수 있으므로 본 결과는 탐색적 분석의 의미로 해석할 필요가 있다. 따라서 상관관계를 파악하기 위해서는 다양한 구간의 검체를 대상으로 추가 분석이 필요할 것으로 판단된다.

본 연구는 2021-2025년 국내 말라리아 진단 현황을 분석하였다. 연구 결과는 5개년 동안 자원화한 말라리아 검체를 대상으로 진단 의뢰기관별 현황을 분석하여 증감 원인을 추정하였다. 또한, 환자의 기생충혈증을 추정함으로써 국내 말라리아의 특성을 확인하였다. 이러한 결과는 국내 말라리아 감시체계 강화, 조기 진단 및 신속 치료 전략 수립, 의료기관별 진단 접근성 개선 등 말라리아 퇴치 관련 정책 수립을 위한 근거자료로 활용될 것으로 기대된다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: Korea Disease Control and Prevention Agency (6331-301-210-13).

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Data curation: HNJ. Formal analysis: HNJ. Funding acquisition: HIL. Investigation: HNJ, BRK. Project administration: HIL. Visualization: HNJ. Writing – original draft: HNJ. Writing – review & editing: IHK, HIL.

References

- Garrido-Cardenas JA, González-Cerón L, Manzano-Agugliaro F, Mesa-Valle C. Plasmodium genomics: an approach for learning about and ending human malaria. *Parasitol Res* 2019;118:1-27.
- Milner DA Jr. Malaria pathogenesis. *Cold Spring Harb Perspect Med* 2018;8:a025569.
- Seong H, Suh J, Choi JY, Lee J, Yeom JS. Development of a *Plasmodium vivax* malaria model for evaluating the effects of control strategies on the malaria burden in Democratic People's Republic of Korea. *Front Public Health* 2024;12:1423004.
- Olliaro PL, Barnwell JW, Barry A, et al. Implications of *Plasmodium vivax* biology for control, elimination, and research. *Am J Trop Med Hyg* 2016;95(6 Suppl):4-14.
- Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Malaria management guidelines. KDCA; 2025.
- Korea Disease Control and Prevention Agency. SOP No.: KDCA-S-MS-MALA-18-01.
- Korea Disease Control and Prevention Agency. SOP No.: KDCA-S-GN-MALA-22-01.
- Madamet M, Fonta I, Mosnier J, et al. Comparison of SD Bioline Malaria Ag Pf/Pan and Acro Malaria P.f./P.v./Pan with microscopy and real time PCR for the diagno-

- sis of human *Plasmodium* species. *Diagnostics* (Basel) 2024;14:721.
9. Kim JY, Goo YK, Ji SY, et al. Development and efficacy of real-time PCR in the diagnosis of vivax malaria using field samples in the Republic of Korea. *PLoS One* 2014;9:e105871.
 10. Huh AJ, Kwak YG, Kim ES, et al. Parasitemia characteristics of *Plasmodium vivax* malaria patients in the Republic of Korea. *J Korean Med Sci* 2011;26:42-6.

Surveillance Report

Malaria Diagnosis Status in Republic of Korea, 2021–2025

Haneul Jung , Bora Ku , Il-Hwan Kim , Hee-Il Lee* 

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

ABSTRACT

Objectives: This study aims to identify the characteristics of domestic malaria by examining the status of malaria diagnoses referred to the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) between 2021 and 2025.

Methods: Malaria diagnostic samples referred to the KDCA were classified into private sector submissions from medical institutions and public sector submissions from public health centers and military hospitals. Malaria infection was confirmed by microscopic examination or molecular detection. Patient characteristics, such as parasitemia levels, were estimated using a formula based on real-time polymerase chain reaction (PCR) cycle threshold (C_t) values.

Results: The KDCA collected a total of 2,508 malaria-positive samples between 2021 and 2025. Domestic *Plasmodium vivax* accounted for 96.2% of malaria cases, whereas imported malaria cases were caused by *Plasmodium falciparum* (75.8%), *Plasmodium ovale* (16.8%), *P. vivax* (5.3%), and *P. falciparum*–*P. ovale* coinfection (2.1%). The proportion of diagnostic referrals from public health centers was peaked at 58.9% in 2023 and subsequently decreased, whereas the proportion from secondary hospitals gradually increased, reaching 43.8% in 2025. In contrast, the proportion from military hospitals markedly declined from 26.8% in 2024 to 9.9% in 2025. Based on parasitemia estimates calculated from real-time PCR C_t values, most patients in 2024–2025 showed parasitemia levels of 8,000/μl or higher.

Conclusions: Accurate malaria diagnosis is essential for effective disease prevention and control. This study is expected to facilitate patient management and contribute to national malaria elimination by providing basic information through an analysis of the status of malaria diagnosis over five years.

Key words: Malaria; Microscopy; Molecular diagnosis

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

Introduction

Malaria is an acute febrile illness transmitted by female *Anopheles* mosquitoes infected with *Plasmodium* parasites and has a significant impact on global public health [1]. The *Plasmodium* species known to infect humans include

Plasmodium falciparum, *Plasmodium vivax*, *Plasmodium ovale*, *Plasmodium malariae*, and *Plasmodium knowlesi* [2]. In the Republic of Korea (ROK), *P. vivax* malaria is endemic only in certain regions bordering North Korea, such as Gyeonggi, Incheon, and Gangwon provinces, and all other *Plasmodium* species occur only as imported cases [3]. Additionally,

Key messages

① What is known previously?

In the Republic of Korea, *Plasmodium vivax* is endemic. All other malaria species are imported and account for approximately 3–4% of reported cases.

② What new information is presented?

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) collected 90.4% of malaria samples between 2021 and 2025. Among diagnostic referrals, the proportion from public health centers decreased from 58.9% to 17.7%, and that from military hospitals decreased from 26.8% to 9.9%. However, the proportion from secondary hospitals increased from 8.7% to 43.8%. The average cycle threshold (C_t) value decreased from 25.8 to 25.6 in 2024–2025, whereas parasitemia increased from 72,870/ μ l to 80,433/ μ l.

③ What are implications?

KDCA produces basic data by analyzing the current status and characteristics of malaria diagnoses. Continuous surveillance is important for establishing public health policies that support malaria elimination.

domestically acquired *P. vivax* malaria is characterized by the formation of hypnozoites in the liver, allowing a dormant period of up to 2 years [4].

A total of 559, 385, 294, 420, 747, 713, and 601 domestic malaria cases were reported in the ROK in 2019, 2020, 2021, 2022, 2023, 2024, and 2025, respectively, showing a decrease in malaria incidence during the coronavirus disease 2019 pandemic followed by repeated fluctuations. Confirmatory diagnosis of malaria includes microscopy, which directly identifies malaria parasites through blood smear examination, and molecular diagnostic tests, which detect malaria-related genes. As of 2025, microscopic examinations

were conducted by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA), seven Institutes of Health and Environment (Seoul, Incheon, Gwangju, Gyeonggi, Northern Gyeonggi, Gangwon, and Chungnam), and 20 public health centers (Gapyeong-gun, Deogyang-gu, Ilsandong-gu, Ilsanseo-gu, Gimpo-si, Namyangju-si, Pocheon-si, Yangju-si, Yeoncheon-gun, Uijeongbu-si, Paju-si, Ganghwa-gun, Gyeonggi-gu, Michuhol-gu, Bupyeong-gu, Seo-gu, Jung-gu, Goseong-gun, Cheorwon-gun, and Inje-gun). Moreover, molecular diagnostic testing was conducted by the KDCA, Regional Centers for Disease Control and Prevention, and 17 Institutes of Health and Environment (Seoul, Busan, Daegu, Incheon, Gwangju, Daejeon, Ulsan, Sejong, Gyeonggi Main and Northern Branch, Gangwon, Chungbuk, Chungnam, Jeonbuk, Jeonnam Main and Eastern Branch, Gyeongbuk, Gyeongnam, and Jeju) [5].

The Division of Vectors and Parasitic Diseases, KDCA, operates the National Reference Laboratory for Malaria to support effective national infectious disease management. It strengthens the diagnostic capacity of participating institutions through laboratory diagnostic training and proficiency testing, including private and public sector diagnostics, and enhances its own diagnostic capabilities and ensures the reliability of results through participation in external proficiency testing. Additionally, by biobanking and managing specimens from domestically acquired malaria cases, it serves as a control tower for diagnostic management.

This study aimed to identify the characteristics of domestic malaria incidence by summarizing the diagnostic status of private and public sector diagnostics referred to the Division of Vectors and Parasitic Diseases, KDCA, and specimens secured as resources during the recent five-year period (2021–2025), and thereby providing foundational data for a malaria

elimination strategy.

Methods

1. Diagnostic Request

The Division of Vectors and Parasitic Diseases of the KDCA, in accordance with the “Notification on Testing and Examination of the KDCA,” accepts all test requests for specimens related to infectious diseases cases and manages diagnostic specimens by dividing them into private (healthcare institutions) and public (public health centers and military hospitals) sector.

2. Specimen Collection for Biobanking

Blood specimens submitted for diagnostic testing were transported via the KDCA Specimen Secure Transport System. For positive specimens not referred to the KDCA, residual specimens were collected and biobanked in cooperation with healthcare institutions and local public health centers.

3. Malaria Diagnosis

Malaria infection was confirmed for transported blood specimens by conducting microscopy or molecular diagnostic tests in accordance with the confirmatory test method requested by the referring institution and the standard operating procedures for infectious disease laboratory testing [6,7]. For microscopy, infection was confirmed by examining the thick smear slide, and species were identified by observing at least 100 microscopic fields on the thin smear slide. The molecular diagnostic test involved detecting a specific gene (18S ribosomal RNA) using nested polymerase chain reaction (PCR) and reading the results by electrophoresis. Diagnostic results

were reported back through the Integrated Disease and Health Control System.

4. Results and Analysis of Characteristics of Positive Specimens

For the analysis, private and public sector requests and resource specimen acquisition cases handled by the Division of Vectors and Parasitic Diseases, KDCA, over the five-year period (2021–2025) were compiled to assess the diagnostic status and summarize the status by requesting institution. Beginning in 2024, to address the inefficiency of parasitemia calculation through microscopic examination, a formula was introduced to estimate parasitemia from real-time PCR cycle threshold (C_t) values using confirmed domestic *P. vivax* malaria specimens. As in conventional microscopy, a thick blood smears were examined to directly determine parasitemia based on parasites in asexual stages (ring forms, trophozoites, and schizonts), and the equation ($y = -0.2785x + 11.689$, $R^2 = 0.8$) was derived through regression analysis using parasitemia calculated as a Log value and the C_t value. C_t values ranges reported by Madamet et al. [8] were adopted. However, considering that the specimen distribution was concentrated at lower C_t values, the ranges were subdivided to define analytical categories based on data distribution.

Results

During 2021–2025, malaria molecular diagnostic tests referred to the Division of Vectors and Parasitic Diseases consisted of 928 private sector requests and 1,113 public sector requests (total: 2,041), accounting for 73.5% of the total number of reported patients during the same period. During

this period, the highest number of diagnostic requests were recorded in 2023 (n=867) (Table 1). Among the 2,041 diagnoses, 816 malaria-positive (40.0%) and 1,225 malaria-negative cases (60.0%) were detected. A total of 2,508 malaria-positive specimens were biobanked, consisting of 816 positive cases confirmed by the Division of Vectors and Parasitic Diseases and 1,692 resource specimens confirmed at hospitals (Table 2). These specimens accounted for 90.4% of the 2,775 domestically acquired malaria cases during the same period.

Of the 2,508 malaria-positive specimens secured from private and public sector through resource banking, 96.2% (2,413 cases) were domestically acquired *P. vivax* malaria, and the remaining 3.8% (95 cases) were identified as imported malaria. Imported malaria cases were predominantly *P. falciparum* malaria (75.8%, 72 cases), followed by *P. ovale* malaria (16.8%, 16 cases), imported *P. vivax* malaria (5.3%, 5 cases), and mixed *P. falciparum*/*P. ovale* malaria infections (2.1%, 2 cases) (Figure 1).

The status of institutions submitting private and public sector diagnostic requests showed that public health centers accounted for the highest proportion of requests (~50%) from 2021 to 2023; but thereafter, this proportion showed a declining trend, reaching approximately 19% (Table 1). In contrast, the rate of referrals to secondary hospitals showed a continuously increasing trend from 8.7% to 43.8%. For military hospitals, the referral rate gradually increased from 15.1% to 26.8% during 2021–2024, but decreased to 9.9% in 2025.

To analyze patterns of change in parasitemia, real-time PCR was performed on *P. vivax* malaria cases that occurred during January–December, 2024, and January–December, 2025. Parasitemia calculated from the measured C_t values was classified into six groups based on the parasitemia in the blood (Table 3). More than 95% of specimens investigated in 2024 and 2025 showed parasitemia values of 2,000/ μ l or greater. The mean C_t value for domestic *P. vivax* malaria patients decreased from 25.8 in 2024 to 25.6 in 2025,

Table 1. Status of diagnostic referral institutions (2021–2025)

Category	2021	2022	2023	2024	2025	Total
Public health centers	126 (50.2)	184 (51.4)	511 (58.9)	66 (17.7)	41 (21.4)	928
Military hospitals	38 (15.1)	65 (18.2)	203 (23.4)	100 (26.8)	19 (9.9)	425
Primary clinics	4 (1.6)	1 (0.3)	0 (0.0)	12 (3.2)	6 (3.1)	23
Secondary hospitals	47 (18.7)	31 (8.7)	80 (9.2)	130 (34.9)	84 (43.8)	372
Tertiary hospitals	25 (10.0)	46 (12.8)	44 (5.1)	28 (7.5)	24 (12.5)	167
Others	11 (4.4)	31 (8.7)	29 (3.3)	37 (9.9)	18 (9.4)	126
Total	251 (100.0)	358 (100.0)	867 (100.0)	373 (100.0)	192 (100.0)	2,041

Unit: case (%).

Table 2. Malaria sample collection status (2021–2025)

Category		2021	2022	2023	2024	2025	Total
Medical institution	Positive/negative	86/30	101/47	174/154	196/21	107/12	664/264
Public institution	Positive/negative	10/125	12/198	32/507	68/88	30/43	152/961
Biobanking	Positive	169	187	504	404	428	1,692
Total	Positive/negative	265/155	300/245	710/661	668/109	565/55	2,508/1,225

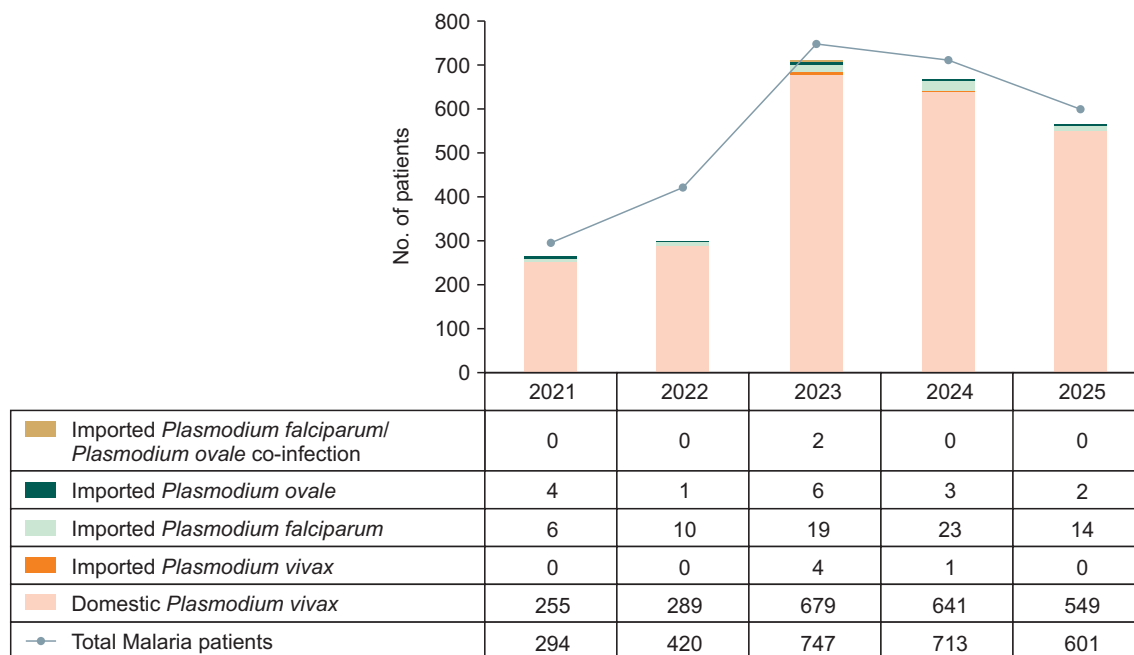


Figure 1. Malaria diagnosis in the Republic of Korea (2021–2025)

Table 3. Classification of parasitemia according to C_t values of *Plasmodium vivax* malaria patients in the Republic of Korea (2024–2025)

Category		Class I	Class II	Class III	Class IV	Class V	Class VI	Mean
Real-time PCR		$32.9 \leq C_t < 37$	$32.2 \leq C_t < 32.9$	$30 \leq C_t < 32.2$	$28 \leq C_t < 30$	$25 \leq C_t \leq 28$	$C_t < 25$	25.8
C_t value								25.6
Parasitemia (parasites/ μ l; P)		$P < 300$	$300 \leq P < 500$	$500 \leq P < 2,000$	$2,000 \leq P < 8,000$	$8,000 \leq P \leq 50,000$	$50,000 < P$	72,870
Sample number	2024	3	3	23	60	273	247	-
	2025	1	1	13	36	257	225	-
Interval (days; date of onset– date of diagnosis)	2024	15.6 ± 18.0	1.0 ± 1.4	6.7 ± 12.5	5.4 ± 4.4	7.0 ± 6.8	7.2 ± 6.9	6.9 ± 7.0
	2025	0	0.3 ± 0.5	5.4 ± 5.3	5.1 ± 7.6	5.1 ± 7.9	3.9 ± 4.4	4.5 ± 6.2

PCR=polymerase chain reaction; C_t =cycle threshold.

and correspondingly, the mean parasitemia increased from 72,870/ μ l to 80,433/ μ l.

Conclusion

The Division of Vectors and Parasitic Diseases, KDCA, operates the National Reference Laboratory for Malaria with the aim of enhancing diagnostic capacity and ensuring reliability.

It has also aided in effective specimen management by securing 90.4% of specimens from domestically acquired malaria cases over the past five years (2021–2025).

Because only *P. vivax* malaria is endemic in the ROK, all other malaria species can be classified as imported malaria. Imported malaria cases have been consistently reported each year, and epidemiological investigations have confirmed that most patients have a history of travel to Africa. Caution is

warranted because the proportion of imported malaria cases has shown an increasing trend. Additionally, because different genotypes of *P. vivax* may be introduced through imported cases, continuous molecular epidemiologic surveillance in addition to diagnosis is important.

During 2021–2023, public health centers submitted the most diagnostic requests and showed a high rate of malaria-negative specimens. This finding might be attributed to their practice of requesting diagnostic testing as a proactive malaria control measure, such as post-treatment test-of-cure to confirm infection clearance in domestic malaria patients, or family testing conducted to enable early detection of recurrence and cluster cases. However, because repeated negative results were confirmed through the post-treatment test-of-cure and its contribution to additional patient management was assessed to be limited, the mandatory post-treatment test-of-cure requirement was lifted in 2024, and as the rate of family testing decreased, the number of referrals from public health centers also decreased. Currently, post-treatment test-of-cure is integrated into the patient follow-up management category and is operated in the form of a follow-up investigation conducted selectively as needed. The gradual increase in the number of diagnostic test requests from private healthcare institutions (primary and secondary hospitals) might be attributed to the enhancement of the capabilities of local public sector and laboratory personnel through various training programs in accordance with the Malaria Re-elimination Action Plan, leading to active recommendations for testing by local public health centers. The high number of diagnostic requests at military hospitals in 2023 might be attributed to the screening conducted on soldiers returning from deployment. Testing was conducted as a preemotive measure even in individuals without malaria symptoms,

and most tested negative. The referrals from military hospitals decreased to 9.9% in 2025 because the requests for testing were consolidated to the Armed Forces Medical Research Institute in order to reduce the burden on military hospitals of having to submit specimens twice, to both the Armed Forces Medical Research Institute and the KDCA. To ensure continuity of epidemiologic analysis for discharged soldiers diagnosed at private healthcare institutions, the two institutions are strengthening cooperation regarding the sharing of diagnostic results and malaria genetic information.

Parasitemia is a key indicator of the level of malaria infection, providing important information for assessing disease severity, monitoring treatment response, and predicting prognosis. Additionally, changes in parasitemia are also useful for evaluating the associations with diagnostic test results. Calculating a malaria patient's parasitemia requires microscopic examination of a thick smear slide, which is time-consuming. In addition, the examiner's proficiency can greatly affect the results. As real-time PCR has become more common, a study has been conducted in the ROK to derive a correlation equation between parasitemia confirmed by microscopic examination and real-time PCR C_t values in malaria patients [9]. The Division of Vectors and Parasitic Diseases also used specimens from 2024 and 2025 to derive a correlation equation ($y = -0.2785x + 11.689$, $R^2 = 0.8$) through regression analysis using parasitemia calculated as a Log value and real-time PCR C_t values. This approach has made it possible to estimate parasitemia from the C_t values of positive specimens, and it will be used for future malaria epidemic analysis. Most *P. vivax* malaria patients in the ROK in 2024–2025 were confirmed to have C_t values of <25 or $25\text{--}28$ (Table 3). However, cases of low-level infection with a C_t value of ≥ 32.2 (parasitemia $\leq 2,000/$

μl) were also often identified. A 2011 study that confirmed parasitemia in domestic malaria patients (mean, 8,396/μl) also reported a low-level infection case with a parasitemia of 12/μl [10]. Cases of low-level infection may be difficult to detect during the diagnostic process due to relatively low parasite density. Therefore, it is necessary to monitor the distribution of parasitemia and changes in diagnostic patterns through continuous surveillance and to supplement diagnostic strategies accordingly. Regarding the relationship between parasitemia and time to diagnosis, in 2025, the time to diagnosis showed a decreasing trend as parasitemia increased, whereas in 2024, no consistent pattern in time to diagnosis was observed. This discrepancy might be influenced by various factors, such as the severity of clinical symptoms and the timing of testing. Additionally, the average time to diagnosis decreased in 2025, when parasitemia increased, but these results are difficult to generalize because of the large Class V and VI populations (Table 3). Additionally, because the time to diagnosis can be influenced by various factors beyond the testing process, such as the timing of a patient's visit to a healthcare institution and the specimen submission process, these results should be interpreted as exploratory analysis. Therefore, further analysis of specimens from various classes is necessary to determine the correlation.

This study analyzed the status of malaria diagnosis in the ROK from 2021 to 2025. The causes of changes in malaria incidence were estimated by analyzing the diagnostic request patterns by institutions based on malaria specimens collected and preserved over the five-year period. Additionally, the characteristics of domestic malaria were identified by estimating patient parasitemia. These results may provide evidence to support the development of malaria elimination policies, including strengthening the domestic malaria surveillance system,

establishing strategies for early diagnosis and prompt treatment, and improving diagnostic accessibility across healthcare institutions.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: Korea Disease Control and Prevention Agency (6331-301-210-13).

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Data curation: HNJ. Formal analysis: HNJ. Funding acquisition: HIL. Investigation: HNJ, BRK. Project administration: HIL. Visualization: HNJ. Writing – original draft: HNJ. Writing – review & editing: IHK, HIL.

References

1. Garrido-Cardenas JA, González-Cerón L, Manzano-Agugliaro F, Mesa-Valle C. Plasmodium genomics: an approach for learning about and ending human malaria. *Parasitol Res* 2019;118:1-27.
2. Milner DA Jr. Malaria pathogenesis. *Cold Spring Harb Perspect Med* 2018;8:a025569.
3. Seong H, Suh J, Choi JY, Lee J, Yeom JS. Development of a *Plasmodium vivax* malaria model for evaluating the effects of control strategies on the malaria burden in Democratic People's Republic of Korea. *Front Public Health* 2024;12:1423004.
4. Olliaro PL, Barnwell JW, Barry A, et al. Implications of *Plasmodium vivax* biology for control, elimination, and research. *Am J Trop Med Hyg* 2016;95(6 Suppl):4-14.
5. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2025 Malaria management guidelines. KDCA; 2025.
6. Korea Disease Control and Prevention Agency. SOP No.:

- KDCA-S-MS-MALA-18-01.
7. Korea Disease Control and Prevention Agency. SOP No.: KDCA-S-GN-MALA-22-01.
 8. Madamet M, Fonta I, Mosnier J, et al. Comparison of SD Bioline Malaria Ag Pf/Pan and Acro Malaria P.f./P.v./Pan with microscopy and real time PCR for the diagnosis of human *Plasmodium* species. *Diagnostics (Basel)* 2024;14:721.
 9. Kim JY, Goo YK, Ji SY, et al. Development and efficacy of real-time PCR in the diagnosis of vivax malaria using field samples in the Republic of Korea. *PLoS One* 2014;9:e105871.
 10. Huh AJ, Kwak YG, Kim ES, et al. Parasitemia characteristics of *Plasmodium vivax* malaria patients in the Republic of Korea. *J Korean Med Sci* 2011;26:42-6.

2023-2025년 국내 미보고 매개체 전파 바이러스 감시

견미량 , 김은지 , 라부미 , 이예지 , 조승례 , 박선훈 , 박은서 , 이덕용 , 주혁*

질병관리청 진단분석국 바이러스분석과

초 록

목적: 본 연구는 기후변화 및 국제 교류 증가로 인해 국내 유입 가능성이 높아진 미보고 매개체 전파 병원체를 조기에 탐지하고, 기존 감시체계의 한계를 보완할 수 있는 선제적 감시 전략의 필요성을 평가하고자 수행되었다.

방법: 2023년부터 2025년까지 전국 의료기관에서 매개체 전파 감염병이 의심되어 의뢰된 검체 중 법정감염병 진단검사 결과 음성으로 판정된 5,674건을 대상으로 후향적 연구를 수행하였다. 인접국 발생 이력이 있고 국내 매개체를 통해 전파 가능성이 높은 10종의 병원체를 우선 선정하였으며, 실시간 유전자 검출검사(quantitative reverse transcription polymerase chain reaction, qRT-PCR)를 활용한 스크리닝, Sanger sequencing 및 계통분석을 포함한 분석 알고리즘을 적용하였다.

결과: 총 5,674건의 검체 중 2건에서 진드기가 매개하는 오즈 바이러스(Oz virus) 감염이 최종 확인되었으며, 그 외 9종의 병원체는 검출되지 않았다. 1건은 일본 여행력 및 진드기 교상이 확인된 해외 유입 사례로 확인되었다. 다른 1건은 해외 여행력이 없는 국내 환자로 확인되었으며, 이는 오즈 바이러스가 이미 국내에 존재하고 있을 가능성을 시사하는 중요한 역학적 근거로 판단된다.

결론: 본 연구는 기존 감시체계에서 탐지되지 않은 미보고 병원체의 해외 유입 및 국내 발생 가능성을 확인하였다. 특히 오즈 바이러스의 국내 발생 가능성은 향후 매개체 및 야생동물 기반 감시 강화와 분자 진단 기술 고도화, 원헬스(One Health) 기반 통합 감시체계 구축의 필요성을 시사한다.

주요 검색어: 기후변화; 매개체 전파 감염병; 토고토 바이러스; 출현감염병; 인구집단 기반감시

서 론

기후변화는 최근 전 세계적으로 감염병 발생 양상을 변화시키는 핵심 요인으로 작용하고 있으며, 특히 매개체 전파 감염병(vector-borne diseases)은 이러한 변화에 가장 민감하게 반응하는 중요한 감염병군으로 평가되고 있다. 지구 온난화로

인한 기온 상승과 강수 패턴의 변화는 주요 매개체의 활동 기간 연장 및 생존 환경에 영향을 미치고, 철새이동과 같은 생태적 변화에 직접적인 영향을 미침에 따라 매개체의 서식지 확장을 야기하고 있다. 해외에서 국내로 매개체의 유입이 증가되어 국내에 토착화되지 않은 미보고 바이러스의 전파 가능성이 높아질 우려가 있다(그림 1). 산업화 이후 지구 평균 기온

Received May 14, 2026 Revised June 4, 2026 Accepted June 8, 2026

*Corresponding author: 주혁, Tel: +82-43-719-8190, E-mail: chuhyuk@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



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



KDCA
Korea Disease Control and Prevention Agency

핵심요약

① 이전에 알려진 내용은?

기후변화와 국제 교류 증가는 매개체 전파 감염병의 확산을 촉진하며, 중증열성혈소판감소증후군 등 일부 진드기 매개 질환은 국내에서 이미 토착화된 것으로 알려져 있다. 또한 일본과 미국 등에서 예조, 오즈, 버번 바이러스 등과 같은 신종 진드기 매개 바이러스의 인체 감염 사례가 보고되었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

본 연구를 통해 기존 감시체계에서 확인되지 않았던 오즈 바이러스 감염 사례 2건이 국내에서 최초로 확인되었으며, 이중 1건은 해외 노출력이 확인되지 않아 오즈 바이러스의 국내 존재 가능성을 시사한다.

③ 시사점은?

미보고 병원체의 해외 유입과 국내 발생 사례가 확인됨에 따라, 분자 진단 기반의 선제적 감시체계를 강화하고, 국내 매개체 및 환자를 포괄하는 원헬스(One Health) 협력 감시체계를 구축할 필요가 있다.

은 약 1.0℃ 이상 상승한 것으로 보고되었다. 이러한 변화는 감염병의 계절성, 지역성 및 발생 강도에 구조적인 변화를 유도하는 요인으로 작용하고 있다[1]. 기온 상승은 매개체의 생존율과 번식력을 증가시키고 병원체 전파 가능성을 증대시키며, 매개체 체내에서 바이러스의 복제 속도 증가와 외부 잠복기(extrinsic incubation period)의 단축을 통해 동일 기간 내 전파 효율을 향상시키는 것으로 알려져 있다[1,2]. 이러한 생태학적 변화는 감염병 발생 증가와 전파 속도 가속화로 이어질 수 있으며, 기존 비 서식 지역으로의 매개체 분포 확장을 가능하게 하여 새로운 감염병 발생 위험을 증가시키는 요인으로 작용한다[2].

한편, 해외 유입은 매개체 전파 감염병 확산을 가속화하는 또 다른 핵심 요인이다. 항공 교통의 발달과 국제 여행 증가, 글로벌 물류 교역 확대는 병원체뿐 아니라 매개체 자체의 이동 가능성을 증가시키며, 감염병의 국경 간 확산을 가속화하고 있다[3]. 실제로 치쿤구니야열의 유럽 내 지역사회 유행 사

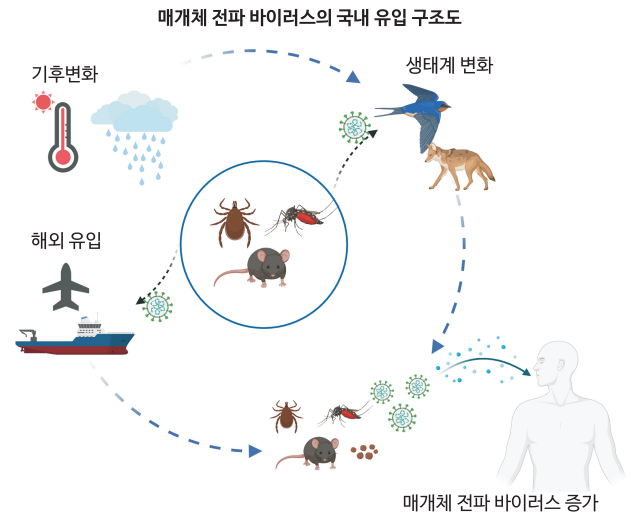


그림 1. 국내 매개체 전파 바이러스의 유입 및 전파 메커니즘

기후변화는 생태계 환경 변화를 야기시킴에 따라 매개체(모기, 진드기, 설치류)의 서식 환경을 변화시켜 병원체 순환을 촉진할 수 있다. 또한 국제 여행, 항공 및 해상 교통을 통해 해외 유래 병원체가 국내로 유입될 수 있으며, 철새 및 야생동물 이동 역시 병원체 확산에 기여할 수 있다. 유입된 병원체는 매개체 또는 저장숙주를 통해 증폭된 후 사람에게 전파되어 감염을 유발할 수 있다.

례와 땡기열의 비 유행 지역 확산 사례는 해외 유입 감염병이 지역사회 전파로 이어질 수 있음을 보여준다[3]. 또한 강수 패턴의 변화는 모기의 산란 환경을 확대하고 진드기의 생존율을 증가시키는 방향으로 작용하여, 기후 요인과 해외 유입 요인이 상호작용함으로써 매개체 전파 감염병의 발생 및 확산 위험을 더욱 증대시키는 것으로 평가된다[1,2].

국내에는 토착화된 매개체 전파 바이러스감염병이 존재하며, 진드기(중증열성혈소판감소증후군), 설치류(신중후군출혈열), 모기(일본뇌염)가 매개하는 감염병이 지속적으로 발생하고 있다[4-6]. 비법정감염병인 예조 바이러스(Yezo virus) 및 오즈 바이러스(Oz virus)의 인체 감염 사례가 일본에서 보고되었으며[7], 미국에서도 버번 바이러스(Bourbon virus) 감염 사례가 확인되었다[8]. 또한 2026년에는 남미 지역 풍토병으로 알려진 안데스 바이러스가 크루즈선 집단발생 사례를 통해 다수 국가 승객에게 전파된 사례가 보고되었으며[9], 국제 여행 증가와 기후변화에 따른 매개체 분포 확대는 해외 유래 병원체의 국가 간 이동 위험을 증가시키고 있다. 더불어 국내에서

도 기후변화와 해외 유입을 배경으로 뎅기열, 치쿤구니아열, 지카바이러스감염증과 같은 모기매개 감염병의 해외 유입 사례가 지속적으로 보고되고 있다. 이러한 흐름은 우리나라에서도 비법정감염병 병원체가 이미 유입되었거나 검출되고 있을 가능성을 배제할 수 없으며, 현재 감시체계에서 인지되지 못한 채 존재할 잠재적 위험이 있음을 시사한다.

현재 매개체 감염병 감시체계는 주로 법정감염병 중심의 확인진단검사에 의존하고 있다. 이는 특정 병원체에 대해서는 높은 진단 정확도를 보이지만 검사 대상에 포함되지 않은 병원체 검출에는 한계가 있다. 기존 확인진단검사에서 음성으로 판정된 환자 검체 중 일부는 기존 검사 대상에 포함되지 않은 병원체 감염 가능성이 존재하며, 이러한 진단 공백은 감염병 조기 탐지 및 대응에 있어 중요한 취약 요소로 작용할 수 있다. 특히 기후변화 및 국제 교류 증가로 인해 새로운 병원체의 유입 가능성이 증가하는 상황에서, 이러한 감시체계의 한계점은 더욱 부각될 수 있다.

기존 감시체계에서 인지되지 않거나 공식적으로 보고되지 않은 병원체에 의해 발생하는 감염병은 미보고 감염병(un-reported infectious diseases)으로 정의되며, 해외에서 보고되었으나 국내에서는 아직 인지되지 않은 병원체뿐 아니라 기존 병원체의 변이 형태까지 포함한다. 이러한 병원체는 국내 유입 초기 단계에서 탐지되지 않을 경우 감염원 파악과 대응이 지연되어 지역사회 전파로 확산될 가능성이 있다. 특히 매개체 전파 감염병은 발열, 근육통 등 비특이적 증상을 보여 임상적 조기 감별이 어렵고, 병원체 확인 지연 시 환자 관리 및 역학적 차단이 늦어질 수 있다.

기존 법정감염병 중심의 진단검사체계에서는 진단 사각지대가 발생하며, 미보고 병원체 감염을 인지하는 데 한계가 있다. 따라서 이러한 한계를 극복하기 위해 질병관리청에서는 2023년부터 미보고 감염병을 대상으로 분자 진단 및 염기서열 분석 기반의 정밀 분석을 포함한 감시체계를 단계적으로 도입하고 있다. 해당 접근은 미보고 병원체의 조기 탐지와 유

입 위험 평가를 가능하게 하며, 궁극적으로 신종 및 변이 병원체에 대한 공중보건 대응 역량 강화에 기여할 수 있다. 본 보고서에서는 2023년부터 2025년까지 국내에서 미보고 매개체 전파 바이러스에 대한 감시 사업 결과를 소개하고자 한다.

방 법

1. 연구 설계

본 연구는 국내 의료기관에서 매개체 전파 감염병이 의심되어 확인진단검사를 의뢰한 검체를 대상으로 후향적으로 수행하였다. 기존 법정감염병 확인진단검사에서 음성으로 판정된 사례를 대상으로, 국외에서는 발생이 보고되었으나 국내에서는 아직 보고되지 않은 병원체의 감염 가능성을 확인하였다.

분석에 사용된 검체는 2023년부터 2025년까지 전국 의료기관 및 보건기관에서 매개체 전파 감염병 확인검사를 목적으로 의뢰된 임상 검체이다. 검체는 발열, 혈소판 감소, 출혈성 증상 등 매개체 전파 감염병이 의심되는 환자에서 채취된 전혈(혈청, 혈장)이 해당한다. 각 검체에 대한 역학 정보(채취 시기, 지역, 임상 의심 질환 등)는 비식별화된 상태로 수집되었으며, 연구는 공중보건 목적의 감시활동 범위 내에서 수행되었다.

2. 조사 대상 검체 선정 및 병원체 분류

조사 대상은 2023년부터 2025년까지 매개체 전파 감염병(뎅기열, 치쿤구니아열, 지카바이러스감염증, 중증열성혈소판감소증후군, 신증후군출혈열) 의심 증상으로 진단 의뢰된 검체 중 검사 결과 최종 음성으로 판정된 5,674건을 선정하였다. 검체는 기존 진단 체계에서 법정감염병 원인 병원체가 확인되지 않아 미보고 병원체의 인체 감염 가능성이 있는 검체를 선정하였다.

대상 병원체는 해외 인체 감염 사례가 보고되었고 국내 또

는 인접 지역에 관련 매개체 및 자연숙주가 존재하거나 유사 생태환경이 형성되어 있어 국내 유입 가능성이 높은 10종을 우선 선정하였으며, 이는 제한된 자원 내에서 감시 효율을 극대화하고 실제 유입 가능성이 높은 병원체를 중심으로 분석하기 위한 전략적 접근이었다. 특히 일부 진드기 매개 바이러스는 최근 동아시아 지역에서 인체 감염 사례가 보고되고 있어 국내 유입 가능성에 대한 선제적 감시가 필요한 것으로 판단하였다. 또한 각 검체는 의뢰된 법정감염병의 매개체를 기준으로 구분하였다. 즉, 진드기 매개 감염병(중증열성혈소판감소증후군) 의뢰 검체는 진드기 매개 미보고 병원체 6종, 설치류 매개 감염병(신증후군출혈열) 의뢰 검체는 설치류 매개 병원체 2종, 모기 매개 감염병(지카바이러스감염증, 치쿤구니야열, 뎅기열) 의뢰 검체는 모기 매개 병원체 2종을 대상으로 하였다(그림 2). 이러한 분류는 병원체의 매개 특성과 감염 경로

를 반영하여 검출 가능성을 높이고 위음성 가능성을 최소화하기 위한 것이다.

선정한 병원체는 매개체 유형에 따라 진드기, 모기, 설치류로 구분하였으며, 각 병원체의 주요 매개체와 자연숙주를 기준으로 분류하였다(표 1).

각 병원체별 주요 매개체 및 자연숙주 정보는 매개체 감시 전략 수립 및 시료 채집 설계의 기초자료로 활용하였다.

3. 분석 알고리즘: 다단계 정밀 분석 체계

본 연구에서는 분석의 정확도와 재현성을 확보하기 위해 다음과 같은 3단계 정밀 분석 알고리즘을 적용하였다(그림 3).

1) 검체 준비 및 병원체 스크리닝

검체로부터 바이러스 핵산을 추출하기 위해 상용화된 핵산 추출 키트(QIAamp Viral RNA Mini Kit, Cat. No. 52906 [Qiagen] 등)를 사용하여 제조사의 권장 프로토콜에 따라 RNA를 추출하였으며, 추출된 RNA는 즉시 분석하거나 -70℃에서 보관하였다. 이후 각 병원체의 특이적 유전자 영역을 표적으로 하는 프로브 기반 실시간 유전자 검출검사(quantitative reverse transcription polymerase chain reaction, qRT-PCR)를 수행하여 유전자 존재 여부를 1차적으로 확인하였다. 모든 분석 과정에서는 양성 및 음성 대조군을 포함하여 검사 결과의 신뢰성을 확보하였다.

2) 염기서열 분석

병원체 스크리닝 결과 양성 또는 의심 양성 검체를 대상으로 해당 유전자 영역을 증폭한 후 염기서열 분석(Sanger sequencing)을 통해 염기서열을 확보하였다.

3) 최종 확인 및 계통 분석

확보된 염기서열은 GenBank 등 국제적인 유전자 데이터

국내 미보고 감염병 유발 병원체 10종

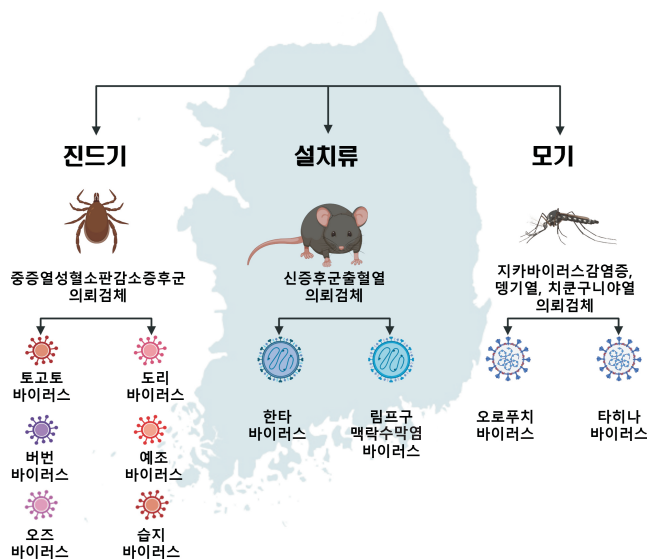


그림 2. 국내 미보고 매개체 전파 바이러스 분류

조사 대상 바이러스는 주요 매개체 또는 저장숙주에 따라 분류하였다. 진드기 매개 바이러스에는 토고토 바이러스(Thogoto virus), 도리 바이러스(Dhori virus), 버번 바이러스(Bourbon virus), 예조 바이러스(Yezo virus), 오즈 바이러스(Oz virus), 습지 바이러스(Wetland virus)가 포함되었으며, 설치류 매개 바이러스에는 한타 바이러스(Hantavirus)와 림프구맥락수막염 바이러스(Lymphocytic choriomeningitis virus)가 포함되었다. 모기 매개 바이러스에는 오로푸치 바이러스(Oropouche virus)와 타히나 바이러스(Tahyna virus)가 포함되었다.

표 1. 바이러스 별 주요 매개체

매개체	바이러스	주요 매개체(학명)
진드기	토고토 바이러스(Thogoto virus)	참진드기류(<i>Rhipicephalus appendiculatus</i> , <i>Hyalomma marginatum</i>)
	도리 바이러스(Dhori virus)	참진드기류(<i>Hyalomma</i> spp.)
	버번 바이러스(Bourbon virus)	참진드기류(<i>Amblyomma americanum</i>)
	예조 바이러스(Yezo virus)	산림참진드기(<i>Ixodes persulcatus</i>)
	오즈 바이러스(Oz virus)	몽뚝참진드기(<i>Amblyomma testudinarium</i>)
	습지 바이러스(Wetland virus)	작은소파참진드기 (<i>Haemaphysalis longicornis</i>)
모기	타히나 바이러스(Tahyna virus)	금빛숲모기(<i>Aedes vexans</i>), 빨간집모기(<i>Culex pipiens</i>)
	오로푸치 바이러스(Oropouche virus)	등에모기류(<i>Culicoides paraensis</i>), 열대집모기(<i>Culex quinquefasciatus</i>)
설치류	림프구막막수막염 바이러스(Lymphocytic choriomeningitis virus)	생쥐(<i>Mus musculus</i>)
	한탄 바이러스(Hantaan virus)	등줄쥐(<i>Apodemus agrarius</i>)
	서울 바이러스(Seoul virus)	집쥐(<i>Rattus norvegicus</i>)
	임진 바이러스(Imjin virus)	우수리땀쥐(<i>Crocidura lasiura</i>)
	아무르 바이러스(Amur virus)/수청 바이러스(Soochong virus)	흰넓적다리붉은쥐(<i>Apodemus peninsulae</i>)
	푸말라 바이러스(Puumala virus)	비단털들쥐류(<i>Myodes glareolus</i>)
	도브라바 바이러스(Dobrava virus)	쥐류(<i>Apodemus flavicollis</i>)
	무주 바이러스(Muju virus)	대륙밭쥐(<i>Craxomys regulus</i>)
	제주 바이러스(Jeu virus)	작은땀쥐(<i>Crocidura shantungensis</i>)

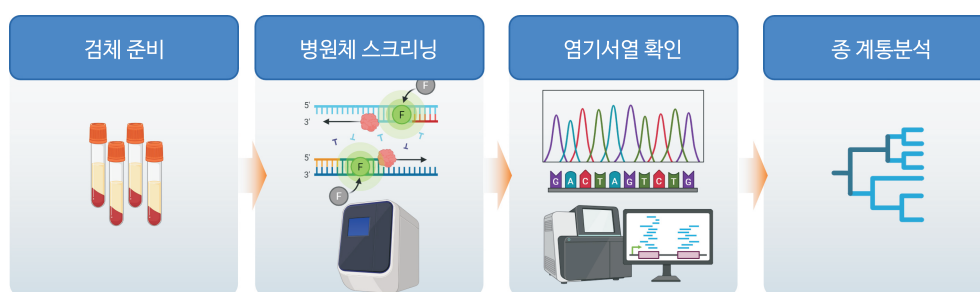


그림 3. 미보고 병원체 분석 알고리즘

의뢰검체를 대상으로 병원체 스크리닝, 염기서열 분석 및 계통분석을 단계적으로 수행하여 미보고 병원체를 확인하는 분석 절차를 나타낸다.

베이스의 BLAST 분석을 통해 병원체 종을 최종 확인하였으며, 미보고 병원체 또는 변이가 의심되는 경우 추가적인 계통학적 분석을 수행하여 유전적 특성과 분류학적 위치를 규명하였다.

결 과

1. 연도별 조사 및 최종 확진 현황

조사 대상 검체 총 5,674건은 진드기 매개 검체 4,654건, 모기 매개 검체 698건, 그리고 설치류 매개 검체 322건으로 구분되었다. 연도별로는 2023년 1,017건, 2024년 2,168건,

2025년 2,489건을 확보하였다. 2023년도에는 모기 매개 및 설치류 매개 관련 검체는 확보하지 못했다. 조사 결과 진드기 매개 검체에서 2023년(1건)과 2025년(1건)에서 조사 대상 병원체 중 오즈 바이러스가 총 2건 검출되었다. 염기서열 분석을 통해 오즈 바이러스를 최종 확인하였다. 2023년 확보 검체는 7월에 검사 의뢰된 검체였으며, 2025년 검체는 11월에 검사가 의뢰되었다. 모기 매개 검체와 설치류 매개 검체에서는 조사 대상 병원체는 확인되지 않았다(표 2).

2. 오즈 바이러스 양성 검체 특성

조사 사업을 통해 국내에서 확인된 오즈 바이러스가 검출된 환자는 총 2명이다(표 3). 첫 사례는 2023년 7월에 확인되었으며 역학조사 결과 일본 여행 중 풀숲에서 진드기에 물린 적(교상)이 있다고 하였다. 우리나라로 귀국 후 임상증상이 있어 중증열성혈소판감소증후군 의심 증상으로 확인검사 후 감염이 확인된 경우로, 국내 최초 해외 유입 사례이다. 유전자 분석결과 일본 진드기에서 분리되어 최초 보고되었던 바이러스주(EH8)와 동일한 염기서열임이 확인되었다.

두 번째 사례는 2025년 11월에 검사 의뢰된 경우로 역학

조사 결과 최근 해외 여행력이 없으며, 텃밭에서 작업을 했던 이력만 있었다. 유전자 분석결과 최초 보고된 바이러스주(EH8)와 동일한 염기서열임이 확인되었다(표 3). 이번 사례는 해외 여행력이 없는 국내 환자에서 오즈 바이러스가 검출된 첫 인체 감염 사례로서 국내에서도 감염될 수 있음을 시사한다. 아울러 중증열성혈소판감소증후군 음성 검체를 대상으로 한 조사 과정에서 바이러스가 확인됨으로써 기존 감염병 검사 체계에서 확인하기 어려운 진드기 매개 바이러스 감염을 확인했다는 점에서 의미가 있다.

논 의

오즈 바이러스는 *Orthomyxoviridae*과 *Thogotovirus*속에 속하는 6개 분절 ssRNA 바이러스이다. 매개체는 남방참진드기(*Amblyomma testudinarium*)로 동아시아 및 동남아시아 지역에 분포한다. 오즈 바이러스는 2018년 일본의 진드기에서 처음 분리된 이후 일본원숭이, 멧돼지, 사슴 등 다양한 야생동물과 사람에서 항체가 확인되었고, 2022년 일본에서 인체 감염으로 인한 사망 사례가 보고되면서 인수공통감염병으로서

표 2. 2023-2025년 연도별 미보고 병원체 조사 결과 요약

매개체	결과	2023년	2024년	2025년	합계
진드기	양성	1	0	1	2
	음성	1,016	1,784	1,852	4,652
모기	양성	0	0	0	0
	음성	0	211	487	698
설치류	양성	0	0	0	0
	음성	0	173	149	322
합계		1,017	2,168	2,489	5,674

표 3. 2023-2025년 국내 오즈 바이러스 감염 사례의 역학적 특성

구분	해외여행력	진드기 교상 여부	역학조사	계통
사례 #1	일본 방문(2023년 7월)	교상 확인	일본 내 풀숲에서 진드기 교상 및 진드기 확인	EH8
사례 #2	해당 없음	미상	텃밭작업	EH8

의 위험성이 부각되었다. 특히 일본은 우리나라와 지리적으로 인접하고 인적 교류가 활발하며, 동일한 매개 진드기가 국내에도 서식하고 있다는 점에서 오즈 바이러스의 국내 유입 및 발생 가능성이 높다고 할 수 있다.

일본에 서식하는 야생동물에서 높은 항체 양성률이 보고된 점은 야생동물-진드기-인간 간 생태적 전파 순환 구조가 형성되어 있을 가능성을 뒷받침하며, 유사한 생태적 순환 구조는 국내에도 존재할 수 있음을 시사한다. 이러한 상황에서 본 연구는 기존 감시체계에서 포착되지 않았던 미보고 병원체의 인체 감염 사례를 확인하였다는 점에서 중요한 의미를 가진다. 총 5,674건의 기존 진단검사 음성 검체를 대상으로 유전자 검출 및 염기서열 분석을 수행한 결과 2건의 오즈 바이러스 감염 사례를 확인하였으며, 이는 기존 법정감염병 중심의 감시체계에 진단 사각지대가 존재함을 보여준다.

특히 확인된 사례가 해외 노출력이 없는 상태에서 발생한 점을 고려할 때, 단순한 해외 유입을 넘어 국내 생태계 내에서의 바이러스 순환 가능성도 배제할 수 없다. 이는 오즈 바이러스가 이미 초기 정착 단계에 진입했을 가능성을 시사하는 신호로 해석될 수 있으며, 기존 원인불명 발열 질환 사례 중 일부가 해당 바이러스와 관련되어 있을 가능성도 존재한다. 따라서 향후 감염병 감시 전략에서는 기존 병원체 중심 접근에서 벗어나, 미보고 병원체를 포함한 포괄적 탐지 체계로의 전환이 필요하다. 아울러 분자 진단 및 염기서열 기반 분석 기술을 활용한 정밀 감시체계를 강화하고, 야생동물 및 매개체에 대한 생태학적 감시를 병행함으로써 매개체 전파 감염병의 조기 탐지 역량을 강화할 필요가 있다. 또한 이러한 대응은 보건·환경·수의 분야 간 협력을 기반으로 하는 원헬스(One Health) 접근을 통해 보다 효과적으로 수행될 수 있다.

본 연구에서는 2023년부터 2025년까지 수행된 미보고 병원체 선제적 감시를 통해 국내에서 오즈 바이러스 감염 사례 2건을 확인하였다. 특히 해외 노출력이 없는 상황에서 발생한 사례를 포함하고 있어, 해당 바이러스의 국내 유입뿐만

아니라 생태계 내 순환 가능성을 시사한다는 점에서 중요한 의미를 가진다.

기후변화, 매개체 서식지 확장, 야생동물 개체수 증가와 같은 환경적 요인으로 인해 향후 새로운 매개체 감염병의 발생 위험이 더욱 증가시킬 것으로 예상된다. 이러한 시점에 기존 법정감염병 중심의 감시체계에서는 확인되지 않는 감염 사례가 실제로 존재할 수 있음을 보여주는 결과이며, 이는 미보고 병원체에 대한 선제적 감시가 더욱 필요한 시기임을 뒷받침해 준다.

따라서 향후 감염병 대응 전략에서는 첫째, 매개체 및 야생동물에 대한 감시를 강화하고, 둘째, 분자 진단 및 염기서열 기반의 병원체 탐지 기술을 고도화하며, 셋째, 보건·환경·수의 분야 간 협력을 기반으로 하는 원헬스 감시체계를 구축할 필요가 있다. 이러한 통합적 접근은 신·변종 감염병의 조기 인지와 확산 차단에 핵심적인 역할을 할 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: MLK, EJK, SRC. Data curation: MLK, EJK, BML, YJL, ESP. Formal analysis: MLK, EJK. Investigation: MLK. Methodology: MLK, EJK, BML, YJL, ESP. Project administration: EJK, SRC, SWP. Resources: BML, YJL, ESP. Supervision: HC. Visualization: MLK. Writing – original draft: MLK, EJK. Writing – review & editing: MLK, EJK, DYK, HC.

References

1. de Souza WM, Weaver SC. Effects of climate change and human activities on vector-borne diseases. *Nat Rev Microbiol* 2024;22:476-91.
2. Ryan SJ, Carlson CJ, Mordecai EA, Johnson LR. Global expansion and redistribution of Aedes-borne virus transmission risk with climate change. *PLoS Negl Trop Dis* 2019;13:e0007213.
3. Paz S. Climate change: a driver of increasing vector-borne disease transmission in non-endemic areas. *PLoS Med* 2024;21:e1004382.
4. Oh H, Yoo JR, Kim M, Heo ST. Current status and infection control of severe fever with thrombocytopenia syndrome in Korea. *Korean J Health Assoc Infect Control Prev* 2022;27:18-27.
5. Jonsson CB, Figueiredo LT, Vapalahti O. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clin Microbiol Rev* 2010;23:412-41.
6. Campbell GL, Hills SL, Fischer M, et al. Estimated global incidence of Japanese encephalitis: a systematic review. *Bull World Health Organ* 2011;89:766-74E.
7. Matsuno K. [Yezo virus and emerging orthonairovirus diseases]. *Uirusu* 2021;71:117-24. Japanese.
8. Kosoy OI, Lambert AJ, Hawkinson DJ, et al. Novel thogotovirus associated with febrile illness and death, United States, 2014. *Emerg Infect Dis* 2015;21:760-4.
9. Palacios G. Preliminary analysis of orthohantavirus andesense virus sequences from a cruise-ship related cluster, May 2026 [Internet]. *Virological.org*; 2026 [cited 2026 Jun 4]. Available from: <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-orthohantavirus-andesense-virus-sequences-from-a-cruise-ship-related-cluster-may-2026/1029>

Surveillance Report

Surveillance for Unreported Vector-borne Viruses in the Republic of Korea, 2023–2025

Mi-Lang Kyun , Eun Ji Kim , BooMi La , Ye-Ji Lee , Seung-Rye Cho , Sun-Whan Park , Eunseo Park ,
Deog-Yong Lee , Hyuk Chu* 

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

ABSTRACT

Objectives: This study aims to detect unreported vector-borne pathogens with the potential for introduction into the Republic of Korea (ROK) owing to climate change and increasing international travel and to evaluate the need for proactive surveillance strategies that address gaps in existing surveillance systems.

Methods: A retrospective analysis was conducted using 5,674 clinical samples collected between 2023 and 2025 from patients with suspected vector-borne infections who tested negative for nationally notifiable vector-borne diseases. Ten candidate pathogens were selected based on their occurrence in neighboring countries and their potential for transmission by vectors present in the ROK. A stepwise analytical workflow was applied, encompassing quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR)-based screening, followed by Sanger sequencing and phylogenetic analysis.

Results: Among the 5,674 samples, two cases of tick-borne Oz virus infection were identified, while the remaining nine target pathogens were not detected. One case was classified as an imported infection based on documented travel to Japan and a confirmed history of tick exposure. The second case occurred in a patient without international travel history, suggesting the potential presence of Oz virus within the domestic environment.

Conclusions: This study identified evidence of potential importation and possible domestic transmission of previously unrecognized pathogens that had not been detected through existing surveillance system. The findings highlight the need to strengthen vector and wildlife surveillance, expand molecular diagnostic capacity, and establish an integrated One Health surveillance framework to improve early detection and response to emerging infectious diseases not currently included in routine surveillance programs.

Key words: Climate change; Vector-borne diseases; Thogotovirus; Emerging infectious diseases; Population surveillance

*Corresponding author: Hyuk Chu, Tel: +82-43-719-8190, E-mail: chuhyuk@korea.kr

Introduction

Climate change is a key factor altering the occurrence patterns of infectious diseases globally, and vector-borne diseases,

in particular, are considered an important group of infectious diseases that is most sensitive to these changes. Rising temperatures and changes in precipitation patterns due to global warming are affecting the extension of activity periods and

Key messages

① What is known previously?

Climate change and increasing international travel have accelerated the geographic spread of vector-borne infectious diseases. In the Republic of Korea (ROK), several tick-borne diseases, including severe fever with thrombocytopenia syndrome, are endemic. Human infections with emerging tick-borne viruses, such as Yezo, Oz, and Bourbon viruses, have recently been reported in Japan and the United States.

② What new information is presented?

This study documents the first identified cases of Oz virus infection in the ROK. Notably, one patient had no history of overseas exposure, suggesting the possibility of local exposure.

③ What are implications?

These findings support the need for enhanced molecular surveillance and the development of an integrated One Health surveillance system linking vector health sectors, animals, and humans.

survival environments of major vectors and directly influencing ecological changes such as bird migration, causing the expansion of vector habitats. An increase in the introduction of vectors from abroad raises concerns over the heightened potential for the transmission of unreported viruses not yet established in the Republic of Korea (ROK) (Figure 1). Since industrialization, the global average temperature has been reported to have increased by more than approximately 1.0°C. These changes are acting as a factor driving structural changes in the seasonality, geographic characteristics, and intensity of infectious disease occurrence [1]. Rising temperatures are known to increase the survival rate and fecundity of vectors, enhance the potential for pathogen transmission, and improve transmission efficiency within the same period by increasing the viral

replication rate and shortening the extrinsic incubation period within the vector [1,2]. These ecological changes can lead to an increase in the incidence of infectious diseases and acceleration of transmission, and can act as a factor increasing the risk of emergence of novel infectious diseases by enabling the expansion of vector distribution into areas where they did not occur previously [2].

Meanwhile, importation from abroad is another key factor that accelerates the spread of vector-borne diseases. Advances in air travel, increased international travel, and the expansion of global trade and logistics increase the potential for the movement of not only pathogens but also the vectors themselves, accelerating the cross-border spread of infectious diseases [3]. In fact, community outbreaks of chikungunya fever in Europe

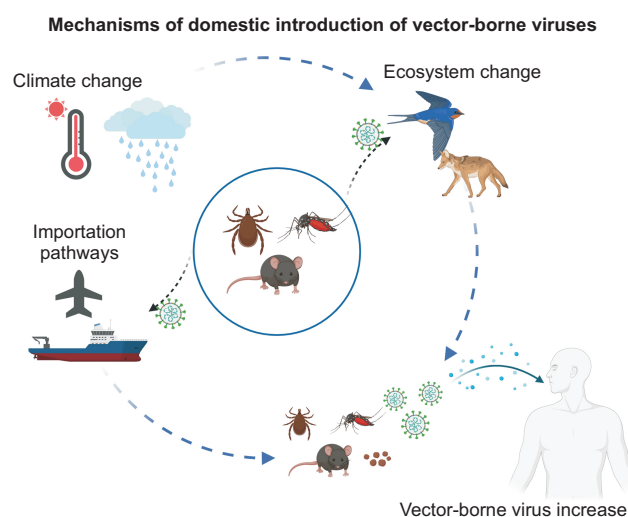


Figure 1. Mechanisms of introduction and transmission of vector-borne viruses in the Republic of Korea

Climate change may facilitate pathogen circulation by altering the distribution, abundance, and ecological interactions of vectors and reservoir hosts, including mosquitoes, ticks, and rodents. Pathogens may also be introduced into the Republic of Korea through international travel and transportation via air and maritime routes. In addition, migratory birds and wild animals may also contribute to pathogen dissemination. Following introduction, pathogens may be amplified in vectors or reservoir hosts and subsequently transmitted to humans.

and the spread of dengue fever to non-endemic areas demonstrate that imported infectious diseases can lead to community transmission [3]. Furthermore, changes in precipitation patterns act to expand mosquito breeding habitats and increase tick survival rates, and the risk of occurrence and spread of vector-borne diseases is further increased through interactions between climatic factors and factors related to importation from overseas [1,2].

In the ROK, endemic vector-borne viral infectious diseases and infections transmitted by ticks (severe fever with thrombocytopenia syndrome, SFTS), rodents (hemorrhagic fever with renal syndrome, HFRS), and mosquitoes (Japanese encephalitis) continue to occur [4-6]. Cases of human infection with the non-notifiable infectious diseases Yezo virus and Oz virus have been reported in Japan [7], and cases of Bourbon virus infection have also been confirmed in the United States [8]. Additionally, in another case in 2026 [9], the Andes virus, a pathogen endemic to South America, was transmitted to passengers from multiple countries through a cruise ship-associated outbreak. Moreover, the expansion of vector distribution driven by increased international travel and climate change is increasing the risk of cross-border movement of pathogens originating overseas. Additionally, in the ROK, against the backdrop of climate change and importation from overseas, imported cases of mosquito-borne infectious diseases, such as dengue fever, chikungunya fever, and Zika virus infection, continue to be reported. This trend suggests that, in the ROK as well, the possibility cannot be ruled out that pathogens causing non-notifiable infectious diseases have already been introduced into the country or are being detected, and that there is a potential risk that they may be present but remain unrecognized under the current surveillance system.

The current vector-borne disease surveillance system primarily relies on confirmatory diagnostic testing focused on notifiable infectious diseases. This approach shows high diagnostic accuracy for specific pathogens, but has limitations in detecting pathogens not included in the testing panel. Some patient specimens determined to be negative in existing confirmatory diagnostic tests may still have the possibility of infection with pathogens not covered by existing tests, and this diagnostic gap can act as a significant vulnerability in the early detection of and response to infectious diseases. In particular, in a situation where the potential for the introduction of new pathogens is increasing due to climate change and increased international exchange, the limitations of such a surveillance system may become more pronounced.

Infectious diseases caused by pathogens that are not recognized or officially reported in the existing surveillance system are defined as unreported infectious diseases and include not only pathogens that have been reported overseas but have not yet been recognized domestically, but also variant forms of existing pathogens. If these pathogens are not detected during the early stages of their introduction into the country, identification of the infection source and response may be delayed, potentially leading to community transmission. In particular, vector-borne diseases present with non-specific symptoms, such as fever and myalgia, making early clinical differentiation difficult and leading to delays in pathogen identification, which may delay patient management and epidemiological containment.

In the existing diagnostic testing system centered on notifiable infectious diseases, diagnostic blind spots arise, and there are limitations in recognizing infections caused by unreported pathogens. Therefore, to overcome these limitations, the Korea

Disease Control and Prevention Agency has been gradually introducing, since 2023, a surveillance system targeting non-notifiable infectious diseases that includes precision analyses based on molecular diagnostics and nucleotide sequence analysis. This approach enables early detection of unreported pathogens and assessment of the risk of pathogen introduction, and can ultimately contribute to strengthening public health response capacity for novel and variant pathogens. This report presents the results of a surveillance program for previously unreported vector-borne viruses in the ROK from 2023 to 2025.

Methods

1. Study Design

This study was conducted retrospectively on specimens submitted by domestic healthcare institutions for confirmatory diagnostic testing of suspected vector-borne diseases. Among cases determined to be negative on existing confirmatory diagnostic testing for notifiable infectious diseases, we assessed the possibility of infection with pathogens whose occurrence has been reported abroad but not yet reported domestically.

The specimens used in the analysis included the clinical samples submitted by healthcare institutions and public health agencies nationwide from 2023 to 2025 for confirmatory testing of vector-borne diseases. Specimens consisted of whole blood (serum and plasma) collected from patients with suspected vector-borne diseases presenting with fever, thrombocytopenia, and hemorrhagic symptoms. Epidemiological information for each specimen (e.g., collection date, region, and clinically suspected disease) was collected in a de-identified manner, and the study was conducted within the scope of

public health surveillance activities.

2. Selection of Study Specimens and Pathogen Classification

A total of 5,674 specimens that were submitted for diagnostic testing between 2023 and 2025 for suspected vector-borne diseases (dengue fever, chikungunya fever, Zika virus infection, SFTS, and HFRS) and were ultimately determined to be negative based on the test results were selected for the study. Specimens with the potential for human infection by an unreported pathogen were selected because causative pathogens of notifiable infectious diseases were not identified under the existing diagnostic system.

Ten target pathogens with a high likelihood of introduction

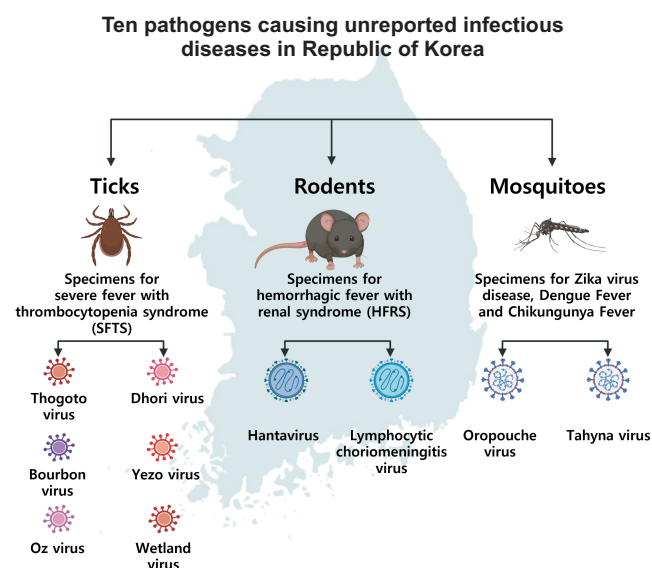


Figure 2. Ten pathogens causing unreported infectious diseases in the Republic of Korea

Ten pathogens with the potential to cause unreported infectious diseases in the Republic of Korea were selected and investigated using specimens submitted for testing of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS), hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS), Zika virus disease, dengue fever, and chikungunya fever, based on transmission vectors (ticks, rodents, and mosquitoes).

into the ROK were selected as priorities because cases of human infection had been reported overseas and because relevant vectors and natural hosts were present domestically or in neighboring regions, or comparable ecological environments existed. This protocol was a strategic approach intended to maximize surveillance efficiency under limited resources and to focus the analysis on pathogens with a high likelihood of actual introduction. In particular, because cases of human infection with certain tick-borne viruses have recently been reported in East Asia, it was determined that proactive surveillance is needed for the possibility of their introduction into the country. Additionally, each specimen was categorized according to the vector corresponding to the notifiable infectious disease for which testing was requested. Specifically, specimens submitted for testing for tick-, rodent-, and mosquito-borne infectious diseases were tested for six tick-borne, two rodent-borne, and two mosquito-borne pathogens, respectively (Figure 2). This

classification was intended to reflect the vector characteristics and infection routes of pathogens, thereby increasing detectability and minimizing the potential for false-negative results.

The selected pathogens were divided into tick, mosquito, and rodent categories according to vector type and were classified based on the primary vector and natural host of each pathogen (Table 1).

Information on the primary vectors and natural hosts of each pathogen was used as foundational data for establishing vector surveillance strategies and specimen collection design.

3. Analysis Algorithm: Multi-stage Precision Analysis System

In this study, the following three-step precision analysis algorithm was applied to ensure analytical accuracy and reproducibility (Figure 3).

Table 1. Major vectors by virus

Vector	Virus	Primary vector (scientific name)
Tick	Thogoto virus	<i>Rhipicephalus appendiculatus</i> , <i>Hyalomma marginatum</i>
	Dhori virus	<i>Hyalomma</i> spp.
	Bourbon virus	<i>Amblyomma americanum</i>
	Yezo virus	<i>Ixodes persulcatus</i>
	Oz virus	<i>Amblyomma testudinarium</i>
	Wetland virus	<i>Haemaphysalis longicornis</i>
Mosquito	Tahyna virus	<i>Aedes vexans</i> , <i>Culex pipiens</i>
	Oropouche virus	<i>Culicoides paraensis</i> , <i>Culex quinquefasciatus</i>
Rodent	Lymphocytic choriomeningitis virus	<i>Mus musculus</i>
	Hantaan virus	<i>Apodemus agrarius</i>
	Seoul virus	<i>Rattus norvegicus</i>
	Imjin virus	<i>Crocidura lasiura</i>
	Amur virus/Soochong virus	<i>Apodemus peninsulae</i>
	Puumala virus	<i>Myodes glareolus</i>
	Dobrava virus	<i>Apodemus flavicollis</i>
	Muju virus	<i>Craseomys regulus</i>
	Jeju virus	<i>Crocidura shantungensis</i>

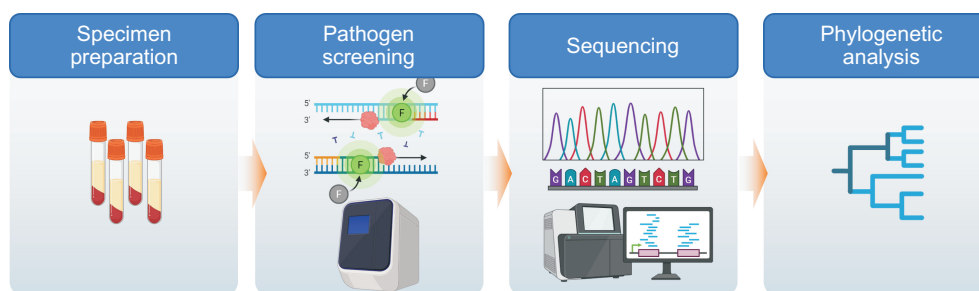


Figure 3. Analytical workflow for unreported pathogens

A stepwise analytical workflow, encompassing pathogen screening, sequence confirmation, and phylogenetic analysis was performed to identify unreported pathogens in submitted clinical specimens.

1) Specimen preparation and pathogen screening

To extract viral nucleic acid from specimens, RNA was extracted using a commercially available nucleic acid extraction kit (e.g., QIAamp Viral RNA Mini Kit, Cat. No. 52906 [Qiagen]) according to the manufacturer's recommended protocol, and the extracted RNA was immediately analyzed or stored at -70°C . Subsequently, a probe-based quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR) targeting the specific gene region of each pathogen was performed to initially confirm the presence or absence of the gene. The reliability of the test results was ensured by including positive and negative controls in all analytical procedures.

2) Nucleotide sequence analysis

For specimens with positive or suspected positive pathogen screening results, the corresponding gene region was amplified, and nucleotide sequences were obtained through nucleotide sequence analysis (Sanger sequencing).

3) Final confirmation and phylogenetic analysis

Pathogen species were finally identified using the acquired nucleotide sequences through BLAST analysis against international genetic databases such as GenBank, and when unreported pathogens or variants were suspected, additional

phylogenetic analysis was performed to determine their genetic characteristics and taxonomic position.

Results

1. Annual Survey and Final Confirmation Status

A total of 5,674 study specimens were classified into 4,654 tick-borne specimens, 698 mosquito-borne specimens, and 322 rodent-borne specimens. By year, 1,017, 2,168, and 2,489 specimens were obtained in 2023, 2024, and 2025, respectively. In 2023, no mosquito-borne or rodent-borne specimens were obtained. Furthermore, Oz virus was detected in a total of two tick-borne specimens among the target pathogens, with one detected in 2023 (one specimen) and the other in 2025 (one specimen). Oz virus was finally identified through nucleotide sequence analysis. None of the target pathogens investigated were identified in mosquito-borne or rodent-borne specimens (Table 2).

2. Characteristics of Oz Virus-positive Specimens

A total of two patients in whom Oz virus was detected were identified through this surveillance project in the ROK (Table 3). The first case was identified in July 2023, and the epidemiological investigation revealed that the patient reported having

Table 2. Summary of unreported pathogen surveillance results by year, 2023–2025

Vector	Result	2023	2024	2025	Total
Tick	Positive	1	0	1	2
	Negative	1,016	1,784	1,852	4,652
Mosquito	Positive	0	0	0	0
	Negative	0	211	487	698
Rodent	Positive	0	0	0	0
	Negative	0	173	149	322
Total		1,017	2,168	2,489	5,674

Table 3. Epidemiological characteristics of confirmed Oz virus infection cases identified in the Republic of Korea, 2023–2025

Case	Travel history	Tick bite	Epidemiological investigation	Strain
Case #1	Travel to Japan (July 2023)	Confirmed	Tick bite and tick observed in a grassy area in Japan	EH8
Case #2	None	Unknown	Gardening activity (at a home garden)	EH8

been bitten by a tick (bite wound present) while in a grassy area during travel to Japan. After returning to the ROK, the patient developed clinical symptoms and was confirmed to be infected following confirmatory testing performed because of symptoms suggestive of SFTS, representing the first imported case identified in the ROK. Genetic analysis confirmed that the nucleotide sequence was identical to that of the virus strain (EH8) that was first reported after being isolated from a tick in Japan.

The testing for the second case was requested in November 2025, and the epidemiological investigation revealed no recent history of overseas travel, with only a history of working in a vegetable garden. Genetic analysis confirmed that the nucleotide sequence was identical to that of the first reported virus strain (EH8) (Table 3). This case represents the first case of human infection with Oz virus detected in a patient in the ROK with no history of overseas travel, suggesting that infection can also occur in the ROK. Furthermore, the identification of the virus during the investigation of SFTS-negative specimens is significant in that it confirmed a tick-borne viral infection that is difficult to identify under the existing infectious disease

testing system.

Discussion

Oz virus is a 6-segmented ssRNA virus belonging to the family *Orthomyxoviridae* and the genus *Thogotovirus*. Its vector is *Amblyomma testudinarium*, which is primarily distributed across East Asia and Southeast Asia. After Oz virus was first isolated from ticks in Japan in 2018, antibodies were identified in various wild animals, such as Japanese macaques, wild boars, and deer, as well as in humans, and its risk as a zoonotic infectious disease was highlighted following the report of a fatal case of human infection in Japan in 2022. In particular, considering the geographical proximity between Japan and the ROK, frequent human exchange between the two countries, and the presence of the same tick vector in the ROK, the introduction and local occurrence of Oz virus in the ROK are plausible.

The report of high seroprevalence in wildlife inhabiting Japan supports the possibility that an ecological wildlife–tick–human transmission cycle has been established and suggests

that a similar ecological cycle may also exist in the ROK. In this context, this study was significant in that it confirmed cases of human infection by unreported pathogens that went undetected by the existing surveillance system. After performing gene detection and nucleotide sequence analysis on a total of 5,674 specimens that tested negative in existing diagnostic tests, two cases of Oz virus infection were identified, demonstrating the existence of diagnostic blind spots in the existing surveillance system centered on notifiable infectious diseases.

In particular, considering that the confirmed cases occurred in the absence of a history of overseas exposure, the possibility of virus circulation within the domestic ecosystem, beyond simple importation, cannot be ruled out. This finding suggests that Oz virus may have already entered an early establishment phase, and there is also a possibility that some existing cases of febrile illness of unknown origin are associated with the virus. Therefore, future infectious disease surveillance strategies require a transition from the existing pathogen-centric approach to a comprehensive detection system that includes unreported pathogens. In addition, it is necessary to enhance early detection capabilities for vector-borne diseases by strengthening the precision surveillance system using molecular diagnostics and nucleotide sequence-based analysis technologies and by concurrently conducting ecological surveillance of wildlife and vectors. Furthermore, this response can be conducted more effectively through a One Health approach based on collaboration among the public health, environmental, and veterinary sectors.

In this study, two cases of Oz virus infection were confirmed in the ROK through proactive surveillance of unreported pathogens conducted from 2023 to 2025. In particular, this finding has significant implications as it includes cases that

occurred in the absence of a history of overseas exposure, suggesting the possibility of not only the domestic introduction of the virus but also its circulation within the ecosystem.

Due to environmental factors such as climate change, vector habitat expansion, and an increase in wildlife populations, the risk of the emergence of new vector-borne diseases is expected to further increase in the future. At this point, these results show that cases of infection that are not identified by the existing testing system centered on notifiable infectious diseases may actually exist, supporting the need for proactive surveillance of unreported pathogens more than ever.

Therefore, future infectious disease response strategies must strengthen the surveillance of vectors and wildlife, advance molecular diagnostic and nucleotide sequence-based pathogen detection technologies, and establish a One Health surveillance system based on collaboration among the public health, environmental, and veterinary sectors. This integrated approach is expected to play a key role in the early detection and containment of new and variant infectious diseases.

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: MLK, EJK, SRC. Data curation: MLK, EJK, BML, YJL, ESP. Formal analysis: MLK, EJK. Investigation: MLK. Methodology: MLK, EJK, BML, YJL, ESP. Project administration: EJK, SRC, SWP. Resources: BML, YJL, ESP. Supervision: HC. Visualization:

MLK. Writing – original draft: MLK, EJK. Writing – review & editing: MLK, EJK, DYL, HC.

References

1. de Souza WM, Weaver SC. Effects of climate change and human activities on vector-borne diseases. *Nat Rev Microbiol* 2024;22:476-91.
2. Ryan SJ, Carlson CJ, Mordecai EA, Johnson LR. Global expansion and redistribution of Aedes-borne virus transmission risk with climate change. *PLoS Negl Trop Dis* 2019;13:e0007213.
3. Paz S. Climate change: a driver of increasing vector-borne disease transmission in non-endemic areas. *PLoS Med* 2024;21:e1004382.
4. Oh H, Yoo JR, Kim M, Heo ST. Current status and infection control of severe fever with thrombocytopenia syndrome in Korea. *Korean J Health Assoc Infect Control Prev* 2022;27:18-27.
5. Jonsson CB, Figueiredo LT, Vapalahti O. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clin Microbiol Rev* 2010;23:412-41.
6. Campbell GL, Hills SL, Fischer M, et al. Estimated global incidence of Japanese encephalitis: a systematic review. *Bull World Health Organ* 2011;89:766-74E.
7. Matsuno K. [Yezo virus and emerging orthonairovirus diseases]. *Uirusu* 2021;71:117-24. Japanese.
8. Kosoy OI, Lambert AJ, Hawkinson DJ, et al. Novel thogotovirus associated with febrile illness and death, United States, 2014. *Emerg Infect Dis* 2015;21:760-4.
9. Palacios G. Preliminary analysis of orthohantavirus andesense virus sequences from a cruise-ship related cluster, May 2026 [Internet]. *Virological.org*; 2026 [cited 2026 Jun 4]. Available from: <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-orthohantavirus-andesense-virus-sequences-from-a-cruise-ship-related-cluster-may-2026/1029>

2026년 크루즈선 안데스 한타바이러스 집단발병과 공중보건 대응

김진용

인천광역시의료원 감염내과

초 록

목적: 안데스바이러스(Andes virus, ANDV)는 사람 간 전파가 반복 보고된 예외적 한타바이러스로 남미에서 치명률이 높은 한타바이러스 심폐증후군을 일으킨다. 이 글은 한타바이러스 감염병의 역학·임상 특성과 전파 경로를 정리하고, 2026년 MV 혼디우스(MV Hondius) 크루즈선 ANDV 집단발병을 사례로 폐쇄·밀집 환경에서의 전파 양상과 향후 공중보건 대응 방향을 검토하고자 한다.

방법: 세계보건기구(World Health Organization, WHO), 유럽질병예방통제센터(European Centre for Disease Prevention and Control), 범미보건기구(Pan American Health Organization), 질병관리청의 공개 보고서와 관련 문헌을 바탕으로 한타바이러스 감염병의 특성과 이번 집단발병 사례를 검토하였다.

결과: MV 혼디우스는 2026년 4월 1일 아르헨티나 우수아이아에서 출항하였고, 5월 2일 영국 국제보건규칙(International Health Regulations, IHR) 국가연락사무소가 WHO에 중증 급성 호흡기질환 집단발병을 공식 통보하였다. 5월 27일 기준 감염자는 13명(확진 11명, 추정 2명)이었고 이 중 3명이 사망하였다. 유전체 분석에서 환자 간 단일염기다형성(single-nucleotide polymorphism) 차이가 1개 이하로 확인되어 단일 또는 극소수의 인수공통 spillover 이후 선상 사람 간 전파가 이어졌을 가능성이 제기되었으며, 5월 22일 기준 유효재생산수(effective reproduction number)는 0.7로 추정되었다. 고령(평균 약 65세), 선실 공유, 공용 실내공간 노출, 간병·진료 과정의 밀접 접촉이 주요 전파 기여 요인으로 평가되었다.

결론: 이번 사례는 사람 간 전파가 드문 병원체라도 폐쇄·밀집 환경에서는 집단발병으로 증폭될 수 있음을 보여준다. 신속한 인지, IHR에 기반한 다국적 공조, 정확한 위험소통이 통제에 핵심 요소였으며, 국내에서는 해외 유입 가능성에 대비하여 여행력 취취, 의심사례 감시, 신속진단체계의 평시 준비가 필요하다.

주요 검색어: 오르토탄타바이러스; 안데스바이러스; 한타바이러스 폐증후군; 질병유행; 선박

서 론

2026년 봄, 남대서양을 항해하던 한 크루즈선에서 원인을 알 수 없는 중증 호흡기질환이 연이어 발생하였다. 환자와 접

촉자가 여러 나라로 이동하면서 이 사건은 단기간에 국제 공중보건 현안이 되었다. 원인은 한타바이러스의 하나인 안데스 바이러스(Andes virus, ANDV)였다. 한타바이러스 감염은 대개 설치류에서 사람으로 전파되는 인수공통감염병으로 이해

Received June 12, 2026 Revised June 15, 2026 Accepted June 15, 2026

*Corresponding author: 김진용, Tel: +82-32-580-6496, E-mail: kkykey@gmail.com

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



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



KDCA
Korea Disease Control and Prevention Agency

핵심요약**① 이전에 알려진 내용은?**

안데스바이러스는 사람 간 전파가 반복 보고된 예외적 한타 바이러스로, 남미에서 치명률이 높은 한타바이러스 심폐증 후군을 일으킨다.

② 새로이 알게 된 내용은?

크루즈선이라는 폐쇄·밀집 환경에서 단일에 가까운 spill-over로 시작된 감염이 사람 간 전파를 거쳐 다국적 집단발병(13명, 3명 사망)으로 확대되었다. 신속한 인지와 국제 공조 이후 유행은 감소 국면(유효재생산수 0.7)에 진입하였다.

③ 시사점은?

이동수단과 밀집시설에서 발생할 수 있는 인수공통감염 집단발병에 대비하여 조기 감시, 다국적 공조, 신속진단, 위험소통 역량을 강화해야 한다.

되어 왔지만, ANDV는 사람 간 전파가 반복 보고된 예외적 병원체다. 선실과 공용 공간을 장시간 공유하는 크루즈선 환경은 이러한 전파 특성이 집단발병으로 이어질 수 있는 조건을 제공하였다.

역학조사가 아직 진행 중이므로, 현재까지 공개된 자료를 바탕으로 전파 양상과 향후 대응 방향을 제시한다.

한타바이러스 감염병의 발견과 임상 스펙트럼

한타바이러스가 의학사에 본격적으로 등장한 계기는 한국전쟁이었다. 1951-1953년 한탄강 유역에서 다수의 유엔군 병사가 원인불명의 출혈성 신부전(당시 '한국형 출혈열')을 앓았고, 1976년 Lee 등[1]이 등줄쥐(*Apodemus agrarius*)에서 원인 바이러스를 분리하여 한탄바이러스(*Hantaan virus*, HTNV)로 명명하였다. 이후 도시 설치류에서 서울바이러스(*Seoul virus*, SEOV)가 확인되었다. 이들 바이러스는 신증후군출혈열(hemorrhagic fever with renal syndrome, HFRS)을 일으키며, 신장과 혈관을 주로 침범한다. 한국을 포함한 동아

시아는 현재도 HFRS의 주요 발생 지역이다.

신대륙(New World)에서는 1993년 미국 남서부 포코너스(Four Corners) 지역에서 건강하던 젊은 성인들이 급성 호흡부전으로 잇따라 사망하였다. 이때 동정된 신놈브레바이러스(*Sin Nombre virus*, SNV)는 신장이 아니라 폐를 주로 침범하는 임상상을 보였고, 이후 이 질환은 한타바이러스 심폐증후군(hantavirus cardiopulmonary syndrome, HCPS; 한타바이러스 폐증후군이라고도 함)으로 명명되었다[2]. ANDV는 1990년대 중반 아르헨티나·칠레 남부에서 분리되었고, 남미 HCPS의 주요 원인으로 자리 잡았다. 이러한 발견 과정을 거치며 구대륙형(Old World) 한타바이러스는 주로 신장형(HFRS), 신대륙형 한타바이러스는 주로 폐형(HCPS) 임상상을 보인다는 지역적·임상적 구분이 형성되었다.

원인 병원체와 임상적 특성

한타바이러스는 분야바이러스목(Bunyavirales) 한타바이러스과 오르토탄타바이러스속(*Orthohantavirus*)에 속하며, 현재까지 20종 이상이 알려져 있다. 사람에게 질병을 일으키는 대표적 종으로는 아메리카의 ANDV와 SNV, 유럽의 푸말라바이러스(*Puumala virus*)와 도브라바바이러스(*Dobrava virus*), 동아시아의 HTNV와 SEOV가 있다. 보유숙주는 바이러스 종마다 다르다. ANDV의 주된 보유숙주는 긴꼬리쌀쥐(*Oligoryzomys longicaudatus*)이며, 아르헨티나·칠레 남부에 분포하고 우루과이·브라질 남부·파라과이에서도 관련 사례가 보고된다. 주요 한타바이러스 종의 분류, 보유숙주, 임상상, 치명률 및 지역 분포는 표 1과 같다.

HCPS의 잠복기는 대개 1-6주이며, 드물게 더 길다(중앙값 약 18일). 초기에는 발열, 근육통, 두통, 오한과 함께 메스꺼움, 구토, 복통 등 소화기 증상이 나타나 감기나 위장염으로 오인되기 쉽다. 그러나 수일 내에 호흡곤란, 폐부종, 혈압 저하가 빠르게 진행하며 심폐기로 이행한다. 진단은 역전사중

표 1. 한타바이러스 주요 종의 분류, 보유숙주, 임상상, 치명률 및 지역 분포

바이러스(약어)	보유숙주	주요 질환	치명률(%)	주요 분포 지역
안데스바이러스(ANDV)	긴꼬리쌀쥐(<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>)	한타바이러스 심폐증후군(HCPS)	20-50	아르헨티나·칠레 남부 등 남미
신롬브레바이러스(SNV)	사슴쥐(<i>Peromyscus maniculatus</i>)	한타바이러스 심폐증후군(HCPS)	20-40	미국 남서부·북미
한탄바이러스(HTNV)	등줄쥐(<i>Apodemus agrarius</i>)	신증후군출혈열(HFRS)	1-15	한국·중국 등 동아시아
서울바이러스(SEOV)	집쥐(<i>Rattus norvegicus</i>)	신증후군출혈열(HFRS)	<1	전 세계(도시 설치류)
푸말라바이러스(PUUV)	대륙밭쥐(<i>Myodes glareolus</i>)	유행성신병증(HFRS 경증형)	<0.5	유럽

ANDV=Andes virus; SNV=Sin Nombre virus; HTNV=Hantaan virus; SEOV=Seoul virus; PUUV=Puumala virus; HCPS=hantavirus cardiopulmonary syndrome; HFRS=hemorrhagic fever with renal syndrome.

합효소연쇄반응(reverse transcription polymerase chain reaction, RT-PCR)과 염기서열분석을 중심으로 이루어지고, 항체 검사는 보조적으로 사용된다. 승인된 백신이나 특이 항바이러스제가 없어 치료는 산소요법, 기계환기 등 보존적 치료에 의존한다. 중환자 치료가 가능한 의료기관으로 신속히 이송하는 것이 생존을 향상에 중요하다. 치명률은 아시아·유럽의 HFRS가 1% 미만에서 15% 수준인 반면, 아메리카의 HCPS는 20-35%이고 고령자 또는 동반질환자에서는 40-50%에 이를 수 있다.

1. 세포 친화성(tropism)과 병원성(virulence)

2025년 *PLOS Pathogens*에 발표된 연구는 구대륙형과 신대륙형 한타바이러스의 세포 친화성 차이를 분석하고, 이러한 차이가 병원성과 임상상에 영향을 줄 수 있음을 제시하였다[3]. ANDV는 인간 폐 상피세포, 심근세포, 뇌 세포 등 연구에서 평가한 여러 세포 유형에서 감염 능력을 보이는 광범위한 세포 친화성(broad tropism)을 나타냈다. 반면 구대륙형 HTNV는 폐 내피세포·심근세포·뇌 세포에서 주로 증식하였고, 신대륙형 SNV의 증식은 주로 폐 내피세포에 국한되었다.

ANDV 감염 세포의 전사 반응은 SNV 또는 HTNV 감염 세포보다 뚜렷하였다. 특히 폐 상피세포에서 ANDV 감염은 세포 손상(cell injury)과 염증 반응(inflammatory response)을

촉진하고, 지질 대사 경로(lipid metabolic pathway)를 하향 조절하였다. 이러한 세포 손상과 염증 반응은 HCPS에서 관찰되는 폐부종과 급격한 심폐 기능 부전을 설명하는 분자생물학적 단서가 된다. 다만 이 연구 결과는 실험 모델에서 얻어진 자료이므로, 임상 중증도와 전파력의 차이를 설명하는 근거로 활용하되 직접적인 인과관계로 과도하게 해석하지 않는 것이 적절하다.

이러한 세포 친화성과 병원성의 차이는 치료법 개발의 단서도 제공한다. 같은 연구에서 항바이러스 후보물질로 평가된 우롤리틴 B (uro lithin B)는 ANDV 감염을 억제하면서 숙주 세포 대사 회복과 전사 변화 감소 효과를 보였다. 이는 바이러스 복제 억제와 숙주 반응 조절을 함께 겨냥하는 숙주 지향적 치료(host-directed therapy)의 가능성을 시사한다. 현재 ANDV 감염에 승인된 특이 치료제가 없고 고령자·동반질환자에서 치명률이 높다는 점을 고려하면, 이러한 접근은 향후 연구 과제로 중요하다.

전파 경로: 설치류 노출과 사람 간 전파

한타바이러스 감염의 가장 흔한 경로는 감염된 설치류의 소변, 분변, 타액에 오염된 입자를 흡입하는 것이다. 설치류 배설물이 마르면서 생긴 미세 입자(에어로졸)가 공기 중에 떠다니다가 호흡기로 들어오거나, 오염된 표면을 만진 손으로

눈·코·입을 접촉할 때 감염될 수 있다. 쥐가 많은 헛간이나 창고를 청소할 때, 또는 설치류가 서식하는 숲·들판에서 야외활동을 할 때 노출 위험이 높다. 드물게 감염된 설치류에게 물려 감염되기도 한다. 이러한 환경성 감염은 대개 산발적으로 발생하며 사람 간 전파로 이어지지 않는다.

이러한 환경 감염과 달리, ANDV에서는 사람 간 전파가 반복적으로 확인되어 왔다. 사람 간 전파는 환자와 장시간 밀접하게 접촉한 동거가족, 간병인, 의료진 사이에서 주로 보고되며, 호흡기 분비물이 매개체로 추정된다. 2018-2019년 아르헨티나 에피쿠엔(Epuyén) 집단발병에서 Martínez 등[4]은 단일 지표환자에서 시작된 연쇄 전파를 분자역학적으로 추적하였다. 이 사건은 단일 설치류 spillover에서 시작되어 총 34명이 감염되고 11명이 사망하였다. 전파는 혼잡한 사회 모임에 참석한 3명의 증상자, 즉 초전파자(super-spreaders)에 의해 주도되었다. 높은 바이러스 부하와 간 손상을 보인 환자에서 전파 가능성이 높았고, 전파력은 발병 직전과 발병 초기(전구기)에 가장 높았던 것으로 분석되었다. 무증상기 전파는 입증되지 않았으나 전구 증상이 비특이적이고 경미할 수 있으므로, 접촉자 추적에서는 증상 발현 2일 전부터를 노출 기점으로 설정하는 보수적 접근이 권고된다[5].

ANDV의 사람 간 전파에 관한 근거는 1990년대 이후 점진적으로 축적되어 왔다. 사람 간 전파가 처음 제기된 것은 1996년 아르헨티나 남부(El Bolsón, Bariloche 등)의 집단발병으로, 설치류 밀도가 낮은 환경에서 환자를 진료한 의료진을 포함해 환자와 접촉한 사람들에게서 연쇄적으로 발병이 이어졌다[6]. 이후 Padula 등[7]은 같은 발병의 환자 검체에서 동일한 바이러스 염기서열(Epilink/96)을 확인하여 한타바이러스의 사람 간 전파에 대한 최초의 직접적 분자 근거를 제시하였다. 2002년 아르헨티나에서는 또 다른 계통(ANDV Cent BsAs)이 사람 간 전파에 관련한 사례가 보고되었고, 전파는 주로 전구기 또는 그 직후의 밀접·장시간 접촉에서 일어났으며 잠복기는 약 15-24일로 추정되었다[8]. 2014년 아

르헨티나에서는 전장유전체 분석으로 환자 간 거의 동일한 염기서열(간호사-환자 간 100% 일치 포함)이 확인되어 사람 간 전파 사실이 분자수준에서 뒷받침되었다[9]. 칠레 남부에서도 2011년 가족 내 및 병원 내(의료진) 전파가 역학·분자 분석으로 기술되었으며, 사람 간 전파에서는 마지막 노출 시점을 특정하기 어려운 경우가 많아 접촉자 추적 시 노출 기간을 보수적으로 설정해야 한다는 점이 함께 제기되었다. 사람 간 전파에서 보고된 잠복기(약 15-24일)는 사람 간 노출을 기점으로 산정한 값으로, 환경(설치류) 노출 시점을 정확히 알기 어려운 환경 감염에 비해 잠복기를 비교적 명확하게 추정할 수 있다는 의미이며, 잠복기 자체가 더 짧다는 뜻은 아니다. ANDV의 잠복기는 최대 6주 이상으로 길 수 있으므로, 확진 환자 접촉자에 대해서는 마지막 노출 후 42일(6주)간 모니터링하는 기준이 제시되었다[10]. 이 42일 기준은 이번 크루즈선 사례를 포함한 최근의 접촉자 관리 권고로 이어졌다.

이러한 사람 간 전파의 생물학적 개연성은 체액 내 바이러스 배출 연구로도 뒷받침된다. 칠레의 전향적 코호트(확진 131명)에서 ANDV RNA는 급성기에 혈액(buffy-coat)에서 거의 모든 환자에서 검출되었고, 타액·치은열구액(gingival crevicular fluid)·비인두 검체에서도 검출되었으며, 이들 구강·호흡기 체액의 일부는 세포배양에서 감염력이 확인되었다[11]. 이는 증상 초기 환자와의 밀접 접촉(타액 노출, 침실 공유 등)이 전파 경로가 될 수 있음을 시사한다. 과거에는 사람 간 전파의 인과성을 설치류 공동노출과 구분하기 어렵다는 신중론도 제기되었으나[12,13], 여러 집단발병에서 환자 간 거의 동일한 유전체가 반복 확인되면서 ANDV의 사람 간 전파는 분자·역학적으로 뒷받침되는 전파 경로로 평가된다. 다만 그 빈도는 낮으며, 전파는 주로 밀접·장시간 접촉과 전구기 노출이라는 특정 조건에서 일어난다.

따라서 한타바이러스 감염 경로는 크게 두 가지로 정리된다. 첫째는 설치류로부터의 환경 감염이며, 대부분의 한타바이러스 감염이 여기에 해당한다. 둘째는 ANDV에서 관찰되

는 사람 간 전파이며, 빈도는 낮지만 밀폐된 공간에서 환자와 장시간 접촉할 때 발생할 수 있다. 크루즈선은 이러한 사람 간 전파가 성립하기 쉬운 환경에 해당한다.

한타바이러스 감염병의 발생 현황

한타바이러스 감염은 전 세계적으로 흔한 질병은 아니다. 미주 지역에서는 2025년 47주째 기준 8개국에서 HCPS 229건이 보고되었고, 59명이 사망하여 치명률은 25.7%였다[14]. 미국에서는 2024년 한 해 동안 20건이 확진되고 8명이 사망하였다(치명률 40%). 발생은 애리조나·콜로라도 등 건조한 남서부 주에 집중되었다. 유럽 지역에서는 2023년 HFRS 1,885건(인구 10만 명당 0.4건)이 보고되어 2019-2023년 중 가장 낮은 수준을 기록하였다[15]. 동아시아의 중국과 한국에서는 HFRS가 해마다 수천 건 단위로 보고되어 왔으나, 최근 수십 년간 발생은 감소하는 추세다. 발생 규모는 설치류 개체수와 사람의 노출 기회에 좌우되므로 계절성과 지역성이 뚜렷하다. 최근 한타바이러스 감염의 지역별·연도별 발생 양상은 표 2와 같다.

이러한 통계는 HCPS가 주로 남미·북미의 농촌 지역에서 설치류 노출 후 산발적으로 발생하는 드문 질환임을 보여준다. 이번 크루즈선 사례는 이 전형적 양상과 달랐다. 발생 장소는 농촌이 아니라 대양 위의 선박이었고, 전파는 설치류가

아니라 사람을 통해 이어졌으며, 환자와 접촉자는 단기간에 여러 나라로 이동하였다.

2026년 MV 혼디우스(MV Hondius) 크루즈선 집단발병

MV 혼디우스는 2026년 4월 1일 아르헨티나 우수아이아에서 출항하였으며, 초기 상황보고 시점(2026년 5월 4일 기준) 승객 88명과 승무원 59명을 포함하여 23개국 국적의 총 147명이 탑승하고 있었다[16]. 추정 지표환자(Case 1)는 승선 전 3개월 이상 아르헨티나·칠레·우루과이를 여행한 성인 남성이었다. 그는 4월 6일 증상이 발현되었고 4월 11일 선상에서 사망하였다. 미생물학적 검사가 시행되지 않아 추정사례로 분류되었으나, 승선 전 아르헨티나에서 탐조(birdwatching) 등 야외활동 중 설치류에 노출되었을 가능성이 제기되었다. 이후 4월 하순에 그의 배우자(Case 2, 4월 26일 요하네스버그에서 사망), 인접 선실 승객(Case 3), 환자를 돌본 선의(船醫)와 탐방 가이드 등에서 중증 호흡기질환이 잇따랐다. 일부 사례는 St Helena (4월 24일)와 Ascension (4월 27일) 기항지에서 하선하거나 의료후송된 뒤 남아프리카공화국·네덜란드·스위스 등에서 진단되었다.

진단에는 여러 단계의 가별진단이 필요하였다. 의료후송된 환자(Patient 3)는 초기에 비정형 폐렴(atypical pneumonia)

표 2. 최근 한타바이러스 감염의 지역별·연도별 발생 양상

지역	연도	주요 질환(원인 바이러스)	발생 규모	치명률(%)
미주-남미(남미 전역)	2025	HCPS (ANDV 등)	8개국 229건, 59명 사망 (아르헨티나 최대)	25.7
미주-북미(미국)	2024	HCPS (SNV 등)	20건 확진, 8명 사망(남서부 주 집중)	40
유럽	2023	HFRS (PUUV·DOBV 등)	1,885건(10만 명당 0.4건) 연 수천 건 수준	<1
아시아(중국·한국 등 동아시아)	최근(연간)	HFRS (HTNV·SEOV 등)	연 수천 건(최근 수십 년 감소 추세)	1-15

미주 수치는 2025년 역학주 47주 기준이며, 유럽은 2023년 기준이다. 지역별 감시체계와 보고 기준이 달라 직접 비교에는 주의가 필요하다[14,15]. HCPS=hantavirus cardiopulmonary syndrome; HFRS=hemorrhagic fever with renal syndrome; ANDV=Andes virus; SNV=Sin Nombre virus; PUUV=Puumala virus; DOBV=Dobrava virus; HTNV=Hantaan virus; SEOV=Seoul virus.

으로 의심되었고, 세균·진균 패혈증, 말라리아, 뎅기열 등 매개체 감염이 감별진단에 포함되었다[17]. 호흡기 병원체 패널, 말라리아 검사, 진균 표지자, 혈액배양, 레지오넬라 항원 검사가 모두 음성으로 확인된 뒤 HCPS가 감별진단에 포함되었다. 주요 단서는 환자의 여행력(승선 전 3개월간 아르헨티나·칠레·우루과이 체류), 반복된 음성 검사 결과, 급속한 임상 악화였다. 남아프리카공화국·영국·네덜란드 전문가들의 화상 자문(virtual consultation)을 거쳐 검체가 남아프리카공화국 국립감염병연구소(National Institute for Communicable Diseases, NICD)로 이송되었고, 범한타바이러스(pan-hantavirus) RT-PCR에서 한타바이러스가 확인되었다. 이어 L 분절 염기서열분석으로 ANDV가 확인되었다[17]. 선상에서 채취한 다른 검체도 세네갈 파스퇴르연구소(Institut Pasteur de Dakar) 등으로 이송되어 추가 확진이 이루어졌다. 2026년 5월 2일 영국 국제보건규칙(International Health Regulations, IHR) 국가연락사무소가 세계보건기구(World Health Organization, WHO)에 '2명 사망과 1명 위중을 포함한 중증 급성 호흡기질환 집단발병'을 통보하면서 국제 대응이 본격화되었다[16].

2026년 5월 27일 기준 총 13명(확진 11명, 추정 2명)이 감염되었고 3명(확진 2명, 추정 1명)이 사망하였다[18]. 발

병 초기 8명 시점의 치명률은 38%로 보고되었으며, 13명 기준 치명률은 약 23%다. 누적 발생곡선에서는 4월 6일 지표환자 이후 사례가 증가하다가, 5월 2일 IHR 통보를 전후한 다국적 공조 이후 증가 속도가 완만해지는 양상이 관찰된다(그림 1). 발생 시기는 ANDV의 알려진 잠복기와 부합하며, 선상 사람 간 전파 가능성을 뒷받침한다. 예비 유전체 분석에서도 환자 간 single-nucleotide polymorphism (SNP) 차이가 1개 이하로 거의 동일하게 나타나, 단일 또는 극소수의 인수공통 spillover에서 집단발병이 시작되었을 가능성이 높게 평가되었다[18]. 5월 22일 기준 추정 유효재생산수(effective reproduction number, R_t)는 0.7로 1.0 미만이었으며, 이는 유행이 감소국면에 진입했음을 의미한다[18].

전파에 기여한 요인으로서는 고령, 밀집된 생활공간, 공용 실내공간 노출, 간병·진료 과정의 밀접 접촉이 제시된다. 승객 평균 연령은 약 65세였고 동반질환자의 비율도 상당하였다. 승객은 좁은 선실을 공유하고 식당·라운지 등 실내 공용 공간에서 장시간 접촉하였다. 환자를 돌본 선의와 가이드가 감염된 사례는 간병과 진료 과정의 밀접 접촉이 추가 전파 경로로 작용했을 가능성을 보여준다[5,18]. 특히 발병 초기에는 원인 병원체가 확인되지 않아 ANDV 감염이 의심되지 않았으므로, 환자를 돌본 선의와 가이드는 호흡기 보호구 등 적절한

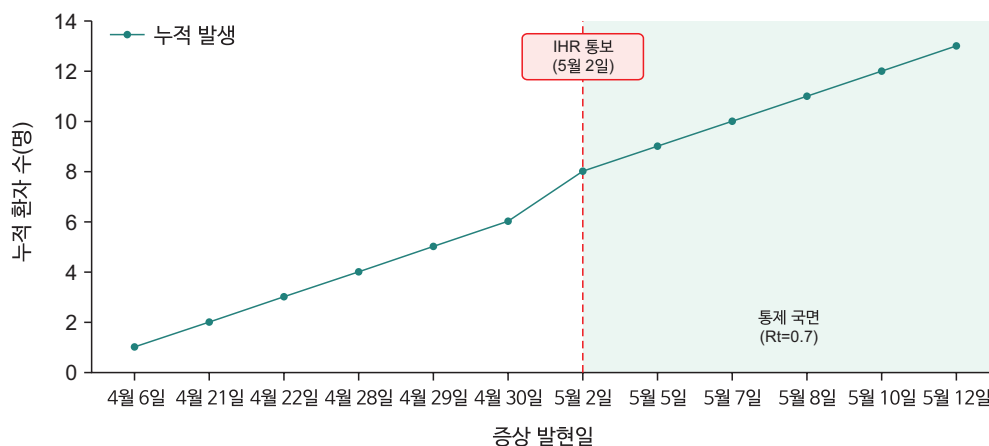


그림 1. 공중보건 대응 전후의 누적 발생곡선, MV 혼다우스 집단발병(2026년, n=13)

5월 2일 국제보건규칙(IHR) 통보 시점과 이후 통제 국면($R_t=0.7$)을 함께 표시하였다. IHR=International Health Regulations; R_t =effective reproduction number.

한 개인보호구(personal protective equipment, PPE)를 착용하지 않은 상태에서 밀접 접촉하였을 것으로 추정된다. 이는 원인이 규명되기 전 단계에서 비특이적 중증 호흡기질환 환자를 진료·간병하는 경우 의료진과 동행자가 전파 위험에 노출될 수 있음을 보여주며, 조기 인지와 함께 표준주의·비말주의에 기반한 선제적 감염관리의 중요성을 시사한다.

국제 대응 체계와 환자·접촉자 관리

WHO는 보고 직후 3단계 조정체계를 가동하고 IHR (2005)에 따라 다국적 공조를 이끌었다. 선박 의료진, 선적국인 네덜란드, 출항국 아르헨티나와 인접국 칠레, 기항·후송에 관여한 영국령(St Helena·Ascension)·카보베르데·남아프리카공화국·스위스·스페인 등이 대응에 참여하였다[16,18]. 대응의 핵심은 환자 격리, 증상자의 신속한 의료후송, 접촉자의 체계적 추적·감시였다. ANDV는 항공기 동승과 같은 단시간 접촉만으로 전파될 가능성이 낮으므로, 접촉자는 노출 강도에 따라 고위험·저위험으로 분류하여 관리하였다.

고위험 접촉자에게는 마지막 노출 후 42일(6주)간 격리와 매일 증상 모니터링이 권고되었다[5,19]. 이는 ANDV의 잠복기가 최대 6주 이상으로 길다는 점을 반영한 보수적 기준이다. 2026년 5월 14일 기준 30개국 이상에서 440명이 넘는 접촉자가 격리 또는 건강 모니터링 대상이 되었다[18]. 검체는 RT-PCR, 염기서열분석, 메타지노믹스로 분석되었으며, WHO는 자연 임상경과 연구 프로토콜 개발과 의학적 대응수단에 관한 과학자문도 추진하였다. 한편 무증상 고위험 접촉자에 대한 반복 PCR 검사는 위음성으로 인한 잘못된 안심과 자원 소모를 초래할 수 있어, 검사 결과 해석과 심리적 지원에 신중을 기하도록 권고되었다[19].

의료기관 내 감염관리도 대응의 중요한 축이었다. ANDV는 호흡기 분비물을 매개로 한 사람 간 전파가 가능하므로, 확

진 또는 의심 환자를 진료할 때에는 표준주의에 더하여 비말주의와 접촉주의를 적용하고, 에어로졸 생성 시술(기관내삽관, 기관지내시경, 비침습적 양압환기, 흡인 등) 시에는 공기주의에 준하여 N95 (또는 동급) 호흡기 보호구, 안면보호구, 가운, 장갑을 착용하도록 권고되었다[19]. 환자는 가능하면 1인실 또는 음압격리실에 배치하고, 의료진과 방문객의 접촉을 최소화하며, 의료폐기물과 환경 표면을 적절히 소독하는 것이 필요하다. 이번 사례에서 환자를 돌본 선의가 감염된 점은, 원인 병원체가 확인되기 전이라도 비특이적 중증 호흡기질환 환자에 대해서는 선제적으로 강화된 감염관리를 적용해야 함을 보여준다. 국내에서도 의심사례를 진료하는 의료기관은 음압격리병상 운영, PPE 비축, 의료진 노출 시 모니터링 절차 등 병원 내 감염관리 체계를 평시에 점검해 둘 필요가 있다.

언론의 관심은 크루즈선 승객의 대피에 집중되었지만, 선박이 기항한 남대서양 소규모 섬 지역사회가 부담한 영향도 중요하다[20]. MV 혼두우스의 항로에 있던 트리스탄다쿠냐(Tristan da Cunha), 세인트헬레나, 어센션 등 영국령 해외영토(UK Overseas Territories)는 1,000마일 이상 떨어진 외딴섬으로, 의료시설과 진단 역량이 제한적이었다. 트리스탄다쿠냐에서는 선박 가이드로 일하던 주민이 하선 후 발병하였으나, 현지에서 확진 검사를 시행하기 어려워 추정사례로 기록되었다. 이는 동일한 병원체라도 지역 보건 역량에 따라 진단 가능성과 임상 결과가 달라질 수 있음을 보여주며, 글로벌 보건 형평성(health equity)의 측면에서도 의미가 있다. 다만 이번 사건에서는 어센션 섬 의료책임자가 5월 1일 집단발병을 조기에 인지하고 영국 보건안전청(UK Health Security Agency)의 해외영토 지원 프로그램을 통해 남아프리카공화국 NICD와 연결되면서, 폐기 직전이던 검체가 회수되어 진단에 이르렀다[20]. 원격지의 기본 진단 역량과 화상 자문 체계는 추가 확산 억제에 기여할 수 있다.

국제 공중보건 위험도와 국내 관련성

WHO는 이번 사건의 위험도를 크루즈선 관련 '중간', 전 세계 '낮음'으로 평가하였다[16,18]. ANDV는 사람 간 전파가 가능하지만, 전파 효율은 호흡기 비말로 쉽게 확산되는 바이러스보다 낮고 장시간 밀접 접촉을 필요로 한다. 또한 조기 발견, 격리, 접촉자 관리를 통해 통제가 가능하다. Rt가 0.7로 추정된 점도 이러한 평가를 뒷받침한다. 위험을 높이는 요인으로는 크루즈선의 밀집·폐쇄 환경, 고령·동반질환자의 비중, 다국적 승객이 하선 후 잠복기 안에 여러 나라로 이동한다는 점, 긴 잠복기로 인한 추적의 어려움이 있다. 반대로 제한적 전파 효율, 비말·공기 전파의 부재, 신속한 인지와 다국적 공조, 매개 설치류가 남미에 국한된다는 점은 위험을 낮추는 요인이다.

국내와 관련하여 질병관리청은 HCPS를 매개하는 설치류가 국내에 서식하지 않고 해외 유입 사례도 보고된 바 없어 일반 국민의 위험도를 '낮음'으로 평가하였다[21]. 다만 남미 유행지역을 방문한 여행객이 입국 후 발병할 가능성은 남아 있으므로, 여행력 청취와 의심사례 감시는 필요하다. 국내에서 매년 발생하는 HFRS는 HTNV·SEOV에 의한 질환이며, 이번 ANDV HCPS와는 원인 병원체와 임상상이 다르다. 현장에서는 이 차이를 명확히 안내해야 한다.

질병관리청은 이번 사건과 관련하여 위험평가와 함께 의료진·국민 대상 예방수칙을 안내하고, ANDV 감염증을 신고·관리 대상으로 두어 의심사례 발생 시 신고·검사·접촉자 관리가 연계되도록 하였다[21]. 진단 측면에서 유의할 점은 검사 표적과 방법의 차이이다. 국내에서 통상적으로 시행되는 HFRS 진단은 HTNV·SEOV 등 구대륙형 한타바이러스를 표적으로 하므로, 검사 표적이 일치하지 않으면 ANDV·SNV 등 신대륙형 한타바이러스 감염을 놓칠 수 있다. 따라서 남미 여행력이 있는 의심환자에서는 특정 종에 국한된 검사만으로 배제하지 말고, 한타바이러스 속(屬)을 폭넓게 검출하는

범한타바이러스 RT-PCR과 염기서열분석을 통한 종 동정이 필요하다. 실제로 이번 크루즈선 사례에서도 범한타바이러스 RT-PCR로 한타바이러스를 먼저 확인한 뒤 L 분절 염기서열 분석으로 ANDV를 동정하였다[17]. 종 특이 프라이머의 교차 반응 여부, 범한타바이러스 검사의 도입·운영 등 구체적인 진단 알고리즘과 검사 의뢰 경로는 질병관리청의 안내에 따르는 것이 적절하며, 국내 유입 가능성에 대비하여 범한타바이러스 검출과 염기서열 기반 종 동정 역량을 평시에 확보·점검해둘 필요가 있다.

교훈과 향후 대응 방향

첫째, 사람 간 전파가 드문 병원체라도 크루즈선·요양시설 등 폐쇄·밀집 환경에서는 집단발병으로 증폭될 수 있다. 선박과 같은 이동수단의 공중보건 사건에 대비하려면 환기, 격리, 동선 분리 지침과 선내 의료진의 조기 인지·보고 체계를 사전에 갖추어야 한다.

둘째, 긴 잠복기를 고려하면 남미 여행력이 있는 발열·호흡기 환자에서 HCPS를 감별진단에 포함해야 한다. 환자가 의료진에게 여행력을 고지하도록 안내하는 것도 조기 인지의 전제다. 이를 위해 현장 의료진과 보건소의 인식 제고가 필요하다.

셋째, 이번 사건에서 선적국·기항국·출항국과 WHO 간 IHR 기반 정보공유는 초기 통제에 기여하였다. 이는 국경을 넘나드는 이동수단 내 집단발병에 대한 국제 협력 모델로 평가할 수 있다. 국내 유입 가능성에 대비해서는 RT-PCR과 염기서열분석에 기반한 신속진단체계, 의심사례 신고·관리 절차, 검체 이송 체계를 평시에 점검해야 한다.

넷째, 위험소통은 통제 전략의 일부로 다루어야 한다. 새로운 호흡기 감염병에 대한 사회적 민감도가 높은 상황에서는 '국내 위험은 낮으나 유행지역 여행 시 주의가 필요하다'는 메시지를 일관되게 전달해야 한다[21]. 의료진, 보건소, 언론이

동일한 핵심 정보를 공유할 때 과도한 불안을 줄이고 필요한 예방행동을 유도할 수 있다.

다섯째, ANDV의 사람 간 전파가 소수의 초전파자에 의해 주도될 수 있다는 점은 통제 전략에 직접적인 함의를 가진다. 2018-2019년 아르헨티나 사례에서 격리 조치 이후 R_t 가 2.12에서 0.96으로 감소하였듯[4], 높은 바이러스 부하나 중증도 등 전파 위험이 높은 환자를 조기에 식별·격리하는 위험도 기반 감시(risk-stratified surveillance)가 제한된 자원하에서 효율적일 수 있다. 이번 크루즈선 사례에서 R_t 가 0.7로 추정된 점도 조기 인지과 격리의 중요성을 뒷받침한다.

여섯째, 한타바이러스는 코로나바이러스감염증-19 대유행 기간에도 산발적 감염과 사망이 보고된 지속적 공중보건 위협이다[22]. 백신과 항바이러스제 개발에는 시간이 필요하므로, 평시 유전체·단백체 데이터 공유 플랫폼, 국제 연구 협력, 계산 기반 신약·백신 후보 발굴을 포함한 장기적 대비 투자가 병행되어야 한다[22].

결론적으로 2026년 크루즈선 ANDV 집단발병은 사람 간 전파가 가능한 한타바이러스가 폐쇄·밀집 환경에서 집단발병으로 발전할 수 있음을 보여준 사례다. 역학조사가 완료되면 전파 양상과 기여 요인이 더 정밀하게 규명될 것이며, 그 결과는 향후 이동수단과 밀집시설에서의 인수공통감염 대비에 근거 자료로 활용될 수 있다. 현 단계에서 필요한 대응은 분명하다. 남미 여행력과 밀접 접촉력을 적극적으로 확인하고, 의심사례를 조기에 인지하며, 국내외 공조와 위험소통 체계를 평시에 점검해야 한다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The author has no conflicts of interest

to declare.

References

1. Lee HW, Lee PW, Johnson KM. Isolation of the etiologic agent of Korean hemorrhagic fever. *J Infect Dis* 1978;137:298-308.
2. Nichol ST, Spiropoulou CF, Morzunov S, et al. Genetic identification of a hantavirus associated with an outbreak of acute respiratory illness. *Science* 1993;262:914-7.
3. Jeyachandran AV, Irudayam JI, Dubey S, et al. Differential tropisms of old and new world hantaviruses influence virulence and developing host-directed antiviral candidates. *PLoS Pathog* 2025;21:e1013401.
4. Martínez VP, Di Paola N, Alonso DO, et al. "Super-Spreaders" and person-to-person transmission of Andes virus in Argentina. *N Engl J Med* 2020;383:2230-41.
5. World Health Organization (WHO). Management of contacts of Andes virus (ANDV) cases from the MV Hondius cruise ship. WHO; 2026.
6. Wells RM, Sosa Estani S, Yadon ZE, et al. An unusual hantavirus outbreak in southern Argentina: person-to-person transmission? *Emerg Infect Dis* 1997;3:171-4.
7. Padula PJ, Edelstein A, Miguel SD, López NM, Rossi CM, Rabinovich RD. Hantavirus pulmonary syndrome outbreak in Argentina: molecular evidence for person-to-person transmission of Andes virus. *Virology* 1998;241:323-30.
8. Martínez VP, Bellomo C, San Juan J, et al. Person-to-person transmission of Andes virus. *Emerg Infect Dis* 2005;11:1848-53.
9. Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, et al. Person-to-person transmission of Andes virus in hantavirus pulmonary syndrome, Argentina, 2014. *Emerg Infect Dis* 2020;26:756-9.
10. Martínez-Valdebenito C, Calvo M, Vial C, et al. Person-to-person household and nosocomial transmission of andes hantavirus, southern Chile, 2011. *Emerg Infect Dis* 2014;20:1629-36.
11. Ferrés M, Martínez-Valdebenito C, Henríquez C, et al. Viral shedding and viraemia of Andes virus during acute hantavirus infection: a prospective study. *Lancet Infect Dis* 2024;24:775-82.
12. Chaparro J, Vega J, Terry W, et al. Assessment of per-

- son-to-person transmission of hantavirus pulmonary syndrome in a Chilean hospital setting. *J Hosp Infect* 1998;40:281-5.
13. Toledo J, Haby MM, Reveiz L, Sosa Leon L, Angerami R, Aldighieri S. Evidence for human-to-human transmission of hantavirus: a systematic review. *J Infect Dis* 2022;226:1362-71.
14. Pan American Health Organization (PAHO). Epidemiological alert hantavirus pulmonary syndrome in Americas region - 19 December 2025. PAHO; 2025.
15. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Hantavirus infection - Annual Epidemiological Report for 2023 [Internet]. ECDC; 2025 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/hantavirus-infection-annual-epidemiological-report-2023>
16. World Health Organization (WHO). Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, multi-country [Internet]. WHO; 2026 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON599>
17. Andes Virus Outbreak Working Group. Andes hantavirus outbreak on a cruise ship, 2026. *NEJM Evid* 2026;5:EVI-Dpha2600170.
18. World Health Organization (WHO). Hantavirus outbreak linked to cruise ship travel, multi-locations [Internet]. WHO; 2026 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON604>
19. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Rapid scientific advice on laboratory testing of Andes virus (ANDV) for high-risk contacts under the MV Hondius outbreak. ECDC; 2026.
20. Dryden M, Blumberg L, Weyer J, et al. Cruise ship hantavirus outbreak in remote island communities. *Lancet* 2026;407:2285-6.
21. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Domestic risk assessment and prevention guidance on hantavirus cardiopulmonary syndrome (Andes virus infection) reported on an overseas cruise ship. KDCA. 2026 May 8.
22. Khan A, Khan M, Ullah S, Wei DQ. Hantavirus: the next pandemic we are waiting for? *Interdiscip Sci* 2021;13:147-52.

Review & Perspective

2026 Cruise Ship-associated Andes Hantavirus Outbreak and Public Health Response

Jin Yong Kim 

Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Incheon Medical Center, Incheon, Korea

ABSTRACT

Objectives: Andes virus (ANDV) is an exceptional hantavirus for which human-to-human transmission has been repeatedly reported, and it causes hantavirus cardiopulmonary syndrome with high lethality in South America. This review aims to summarize the epidemiological and clinical features of hantavirus infections and their transmission routes, and to examine transmission patterns within a confined, high-density environment and future public health response strategies, using the 2026 ANDV outbreak on the MV Hondius cruise ship as a case study.

Methods: Drawing on publicly available reports from the World Health Organization (WHO), the European Centre for Disease Prevention and Control, the Pan American Health Organization, and the Korea Disease Control and Prevention Agency, as well as relevant literature, we reviewed the characteristics of hantavirus infections and this outbreak.

Results: The MV Hondius departed from Ushuaia, Argentina, on April 1, 2026. On May 2, the UK International Health Regulations (IHR) National Focal Point formally alerted the WHO to a cluster of severe acute respiratory illnesses. By May 27, 13 individuals (11 confirmed and 2 probable cases) had been infected, and 3 had died. Genomic analysis revealed no more than one single-nucleotide polymorphism difference among patients, indicating onboard human-to-human transmission following a single or a very small number of zoonotic spillover events; the effective reproduction number was estimated to be 0.7 on May 22. Major factors contributing to transmission included advanced age (mean, approximately 65 years), shared cabins, communal indoor spaces, and close caregiving or clinical contact.

Conclusions: This outbreak demonstrates that pathogens with limited human-to-human transmissibility can nevertheless be amplified in a closed, high-density environment. Prompt identification, international coordination under the IHR, and efficient risk communication were central to controlling the outbreak, and preparedness for potential importation requires routine assessment of travel history, surveillance for suspected cases, and access to rapid diagnostic testing.

Key words: Orthohantavirus; Andes virus; Hantavirus pulmonary syndrome; Disease outbreaks; Ships

*Corresponding author: Jin Yong Kim, Tel: +82-32-580-6496, E-mail: kjoykey@gmail.com

Introduction

In the spring of 2026, successive cases of a severe respiratory

illness of unknown cause occurred on a cruise ship sailing in the South Atlantic. As the patient and contacts traveled to multiple countries, this incident became an international public

Key messages

① What is known previously?

Andes virus is an exceptional hantavirus that frequently spreads through human-to-human contact and causes highly fatal hantavirus cardiopulmonary syndrome in South America.

② What new information is presented?

In a closed, crowded environment of a cruise ship, an infection arising from a near-single zoonotic spillover event expanded through human-to-human transmission into a multinational outbreak (13 cases, 3 deaths). Rapid diagnosis and international coordination successfully lowered the transmission rate (effective reproduction number 0.7).

③ What are implications?

Early surveillance, international coordination, rapid diagnostics, and efficient risk communication should be strengthened for zoonotic outbreaks in transportation and other congregate settings.

health issue in a short period of time. The cause was Andes virus (ANDV), a hantavirus. Hantavirus infection has generally been understood as a zoonotic infectious disease transmitted from rodents to humans, but ANDV is an exceptional pathogen for which person-to-person transmission has been repeatedly reported. The cruise ship environment, where cabins and common areas are shared for extended periods, provided conditions under which these transmission characteristics could lead to an outbreak.

As the epidemiological investigation is still ongoing, this report presents the transmission patterns and future response directions for this virus based on the data released to date.

Discovery and Clinical Spectrum of Hantavirus Infection

The Korean War was the impetus for the major emergence of hantavirus in medical history. From 1951 to 1953, numerous United Nations soldiers in the Hantan River basin suffered from hemorrhagic renal failure of unknown origin (then called “Korean hemorrhagic fever”). In 1976, Lee et al. [1] isolated the causative virus from the striped field mouse (*Apodemus agrarius*) and named it Hantaan virus (HTNV). Subsequently, Seoul virus was identified in urban rodents. These viruses cause hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) and primarily affect the kidneys and blood vessels. East Asia, including the Republic of Korea (ROK), remains a major endemic area for HFRS.

In the New World, in 1993, a series of previously healthy young adults died from acute respiratory failure in the Four Corners region of the southwestern United States. The Sin Nombre virus (SNV) identified at the time showed a clinical presentation that primarily involved the lungs rather than the kidneys, and the disease was subsequently named hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS; also known as hantavirus pulmonary syndrome) [2]. ANDV was isolated from southern Argentina and Chile in the mid-1990s and has established itself as the primary cause of HCPS in South America. Through this process of discovery, a geographical and clinical distinction was established. Old World and New World hantaviruses primarily exhibit a renal (HFRS) and a pulmonary clinical presentation (HCPS), respectively.

Causative Pathogen and Clinical Characteristics

Hantavirus belongs to the genus *Orthohantavirus*, family Hantaviridae, order Bunyavirales, and more than 20 species are known to date. Representative species that cause disease in humans include ANDV and SNV in the Americas, Puumala virus and Dobrava virus in Europe, and HTNV and Seoul virus in East Asia. The reservoir host differs for each virus species. The primary reservoir host of ANDV is the long-tailed pygmy rice rat (*Oligoryzomys longicaudatus*), which is distributed in southern Argentina and Chile, and related cases are also reported in Uruguay, southern Brazil, and Paraguay. The classification, reservoir hosts, clinical features, case fatality, and geographical distribution of major hantavirus species are summarized in Table 1.

The incubation period for HCPS is typically 1–6 weeks; however, it can be longer (median approximately 18 days). Initially, gastrointestinal symptoms such as nausea, vomiting, and abdominal pain appear along with fever, myalgia, headache, and chills, making it easy to mistake this infection for the

common cold or gastroenteritis. However, within several days, dyspnea, pulmonary edema, and hypotension progress rapidly, transitioning to the cardiopulmonary phase. Diagnosis is centered on reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) and nucleotide sequence analysis, and antibody testing is used adjunctively. Because there are no approved vaccines or specific antiviral agents, treatment relies on supportive care, such as oxygen therapy and mechanical ventilation. Rapid transport to healthcare institutions capable of providing care for critically ill patients is important for improving survival. The case fatality rate for HFRS in Asia and Europe ranges from less than 1% to approximately 15%, whereas that for HCPS in the Americas is 20–35% and can reach 40–50% in older adults or individuals with comorbidities.

1. Cellular Tropism and Virulence

A study published in *PLOS Pathogens* in 2025 analyzed the differences in cellular tropism between Old World and New World hantaviruses and suggested that these differences may affect pathogenicity and clinical presentation [3]. ANDV exhibited broad tropism, demonstrating infectivity in multiple

Table 1. Classification, reservoir hosts, clinical features, case fatality, and geographical distribution of major hantavirus species

Virus (abbreviation)	Reservoir host	Principal disease	Case fatality (%)	Major geographical distribution
ANDV	Long-tailed pygmy rice rat (<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>)	HCPS	20–50	Southern Argentina and Chile and other parts of South America
SNV	Deer mouse (<i>Peromyscus maniculatus</i>)	HCPS	20–40	Southwestern United States and North America
HTNV	Striped field mouse (<i>Apodemus agrarius</i>)	HFRS	1–15	East Asia, including Korea and China
SEOV	Brown rat (<i>Rattus norvegicus</i>)	HFRS	<1	Worldwide (urban rodents)
PUUV	Bank vole (<i>Myodes glareolus</i>)	Nephropathia epidemica (mild HFRS)	<0.5	Europe

ANDV=Andes virus; SNV=Sin Nombre virus; HTNV=Hantaan virus; SEOV=Seoul virus; PUUV=Puumala virus; HCPS=hantavirus cardiopulmonary syndrome; HFRS=hemorrhagic fever with renal syndrome.

cell types evaluated in studies, including human lung epithelial cells, cardiomyocytes, and brain cells. In contrast, Old World HTNV primarily replicated in pulmonary endothelial cells, cardiomyocytes, and brain cells, whereas the replication of New World SNV was primarily restricted to pulmonary endothelial cells.

The transcriptional response of ANDV-infected cells was more pronounced than that of SNV- or HTNV-infected cells. In particular, in lung epithelial cells, ANDV infection promoted cell injury and inflammatory response and downregulated the lipid metabolic pathway. This cellular injury and inflammatory response provide molecular clues that explain the pulmonary edema and acute cardiopulmonary failure observed in HCPS. However, because these findings were obtained from an experimental model, they should be used as evidence to explain differences in clinical severity and transmissibility, but should not be overinterpreted as demonstrating a direct causal relationship.

These differences in cellular tropism and pathogenicity also provide clues for the development of therapies. In the same study, urolithin B, evaluated as an antiviral candidate, inhibited ANDV infection, restored host cell metabolism, and reduced transcriptional changes. This finding suggests the possibility of host-directed therapy that simultaneously targets the inhibition of viral replication and modulation of the host response. Considering that there are currently no approved specific therapeutic agents for ANDV infection and that the case fatality rate is high in older adults and individuals with comorbidities, this approach is an important topic for future research.

Transmission Route: Rodent Exposure and Person-to-person Transmission

The most common route of hantavirus infection is the inhalation of particles contaminated with the urine, feces, and saliva of infected rodents. Infection can occur when fine particles (aerosols) generated from the drying of rodent excreta become airborne and enter the respiratory tract, or when touching the eyes, nose, or mouth with hands that have touched a contaminated surface. The risk of exposure is high when cleaning barns or warehouses infested with rodents or during outdoor activities in forests and fields inhabited by rodents. Rarely, infection can also occur from the bite of an infected rodent. These environmental infections usually occur sporadically and do not lead to person-to-person transmission.

Unlike these environmental infections, person-to-person transmission has been repeatedly confirmed for ANDV. Person-to-person transmission is mainly reported among household contacts, caregivers, and healthcare personnel who have had prolonged close contact with patients, and respiratory secretions are presumed to be the vehicle of transmission. During the 2018–2019 outbreak in Epuyén, Argentina, Martínez et al. [4] used molecular epidemiology to trace a chain of transmission that originated from a single index case. This incident began with a single rodent spillover, resulting in a total of 34 infections and 11 deaths. Transmission was driven by three symptomatic individuals, i.e., super-spreaders, who attended a crowded social gathering. The likelihood of transmission was higher in patients with a high viral load and liver injury, and transmissibility was found to be highest immediately before onset and during the early phase after onset (prodromal period). Although asymptomatic transmission has not been

demonstrated, because prodromal symptoms may be nonspecific and mild, a conservative approach of setting the start of exposure to 2 days before symptom onset is recommended for contact tracing [5].

Evidence of person-to-person transmission of ANDV has been gradually accumulating since the 1990s. Person-to-person transmission was first suggested by a 1996 outbreak in southern Argentina (El Bolsón, Bariloche, etc.), in which illness occurred in succession among people who had contact with patients, including healthcare personnel who cared for them, in a setting with low rodent density [6]. Subsequently, Padula et al. [7] provided the first direct molecular evidence for person-to-person transmission of hantavirus by identifying the same viral nucleotide sequence (Epilink/96) in patient specimens from the same outbreak. In 2002, a case of person-to-person transmission involving another lineage (ANDV Cent BsAs) was reported in Argentina; transmission occurred primarily through close, prolonged contact during the prodromal period or immediately thereafter, and the incubation period was estimated to be approximately 15–24 days [8]. In 2014 in Argentina, nearly identical nucleotide sequences between patients (including 100% identity between a nurse and a patient) were identified through whole-genome analysis, supporting a person-to-person transmission chain at the molecular level [9]. In southern Chile, intrafamilial and hospital-associated (healthcare personnel) transmission was described in 2011 through epidemiologic and molecular analyses; it was also noted that, because the time of last exposure is often difficult to determine in person-to-person transmission, the exposure window should be defined conservatively during contact tracing. The reported incubation period in person-to-person transmission (approximately 15–24 days) is calculated from the time

of person-to-person exposure. It means that the incubation period can be estimated more accurately in such cases than in environmental infections, where the exact time of environmental (rodent) exposure is often difficult to determine. However, it does not imply that the incubation period is shorter. Because the incubation period of ANDV can be as long as 6 weeks or more, a recommendation has been made to monitor contacts of confirmed cases for 42 days (6 weeks) after the last exposure [10]. This 42-day standard led to recent recommendations for contact management, including the cruise ship case.

This biological plausibility of person-to-person transmission is also supported by studies on viral shedding in body fluids. In a prospective cohort in Chile (131 confirmed cases), ANDV RNA was detected in the blood (buffy-coat) of almost all patients during the acute phase and was also detected in saliva, gingival crevicular fluid, and nasopharyngeal specimens; the infectivity of some of these oral and respiratory fluids was confirmed via cell cultures [11]. This finding suggests that close contact with a patient during the early stage of illness (such as saliva exposure and sharing a bedroom) may serve as a route of transmission. In the past, a cautious view was also raised that it was difficult to establish the causality of person-to-person transmission and distinguish it from shared rodent exposure [12,13]. However, with nearly identical genomes repeatedly confirmed between patients in several outbreaks, person-to-person transmission of ANDV is considered a molecularly and epidemiologically supported route of transmission. However, the frequency is low, and transmission occurs primarily under the specific conditions of close and prolonged contact and exposure during the prodromal period.

Therefore, hantavirus infection routes can be broadly classified into two categories. The first is environmental infection

from rodents, and most hantavirus infections fall into this category. The second is person-to-person transmission observed with ANDV; its frequency is low, but it can occur during prolonged contact with a patient in an enclosed space. Cruise ships constitute an environment conducive to such person-to-person transmission.

Occurrence of Hantavirus Infections

Hantavirus infection is not a common disease worldwide. In the Americas, till week 47 of 2025, 229 cases of HCPS were reported from 8 countries, with 59 deaths, leading to a case fatality rate of 25.7% [14]. In the United States, 20 cases were confirmed, and 8 deaths occurred in 2024 (case fatality rate 40%). Cases were concentrated in arid southwestern states, such as Arizona and Colorado. In the European region, 1,885 cases of HFRS (0.4 cases per 100,000 population) were reported in 2023, which was the lowest level during 2019–2023 [15]. In the East Asian countries of China and the ROK, thousands

of cases of HFRS have been reported annually, but the incidence has been on a decreasing trend in recent decades. The magnitude of outbreaks depends on the rodent population and opportunities for human exposure, and therefore, exhibits distinct seasonality and regionality. Recent regional and annual occurrence patterns of hantavirus infection are shown in Table 2.

These statistics show that HCPS is a rare disease that occurs sporadically after exposure to rodents, primarily in rural areas of South and North America. This cruise ship case was different from the typical pattern. The outbreak occurred on a ship on the open ocean rather than in a rural area; transmission occurred from person to person rather than through rodents; and patients and contacts traveled to multiple countries within a short period.

2026 MV Hondius Cruise Ship Outbreak

The MV Hondius departed from Ushuaia, Argentina, on April 1, 2026, with 147 passengers and crew members on

Table 2. Current regional and annual patterns of hantavirus infection

Region	Year	Principal disease (causative virus)	Reported burden	Case fatality (%)
Americas: South America (region-wide)	2025	HCPS (ANDV and others)	229 cases and 59 deaths across 8 countries (highest in Argentina)	25.7
Americas: North America (United States)	2024	HCPS (SNV and others)	20 confirmed cases and 8 deaths (concentrated in southwestern states)	40
Europe	2023	HFRS (PUUV, DOBV, and others)	1,885 cases (0.4 per 100,000 population); several thousand cases per year	<1
Asia (East Asia, including China and Korea)	Recent (annual)	HFRS (HTNV, SEOV, and others)	Several thousand cases per year (declining over recent decades)	1–15

Data for the Americas reflect epidemiological week 47, 2025, while European figures are from 2023. Because regional surveillance and reporting criteria differ, direct comparisons require caution [14,15]. HCPS=hantavirus cardiopulmonary syndrome; HFRS=hemorrhagic fever with renal syndrome; ANDV=Andes virus; SNV=Sin Nombre virus; PUUV=Puumala virus; DOBV=Dobrava virus; HTNV=Hantaan virus; SEOV=Seoul virus.

board (88 passengers and 59 crew, as of the initial report on May 4), representing 23 nationalities [16]. The presumed index case (Case 1) was an adult male who had traveled across Argentina, Chile, and Uruguay for more than 3 months prior to embarkation. He developed symptoms on April 6 and died on board on April 11. He was classified as a probable case because microbiological testing was not performed; however, the possibility of exposure to rodents during outdoor activities, such as birdwatching, in Argentina before boarding was raised. Subsequently, in late April, cases of severe respiratory illness occurred in succession in his spouse (Case 2, who died in Johannesburg on April 26), a passenger in an adjacent cabin (Case 3), the ship's physician, and a tour guide who cared for the patient. Some cases were diagnosed in countries such as South Africa, the Netherlands, and Switzerland after disembarking or being medically evacuated at the ports of call of St Helena (April 24) and Ascension (April 27).

The diagnosis required several steps in the differential diagnosis. The medically evacuated patient (Patient 3) was initially suspected of atypical pneumonia, and bacterial and fungal

sepsis, as well as vector-borne infections such as malaria and dengue fever, were included in the differential diagnosis [17]. HCPS was included in the differential diagnosis after the respiratory pathogen panel, malaria test, fungal markers, blood culture, and Legionella antigen test were all confirmed to be negative. The key clues were the patient's travel history (a 3-month stay in Argentina, Chile, and Uruguay before boarding), repeated negative test results, and rapid clinical deterioration. Following a virtual consultation with experts from South Africa, the United Kingdom, and the Netherlands, the specimen was transferred to the South African National Institute for Communicable Diseases (NICD), where hantavirus was confirmed by pan-hantavirus RT-PCR. ANDV was then identified by L-segment nucleotide sequence analysis [17]. Other specimens collected on board were also transferred to laboratories, including the Institut Pasteur de Dakar in Senegal, where additional confirmation was obtained. The international response was scaled up on May 2, 2026, when the United Kingdom's International Health Regulations (IHR) National Focal Point notified World Health Organization (WHO) of an outbreak

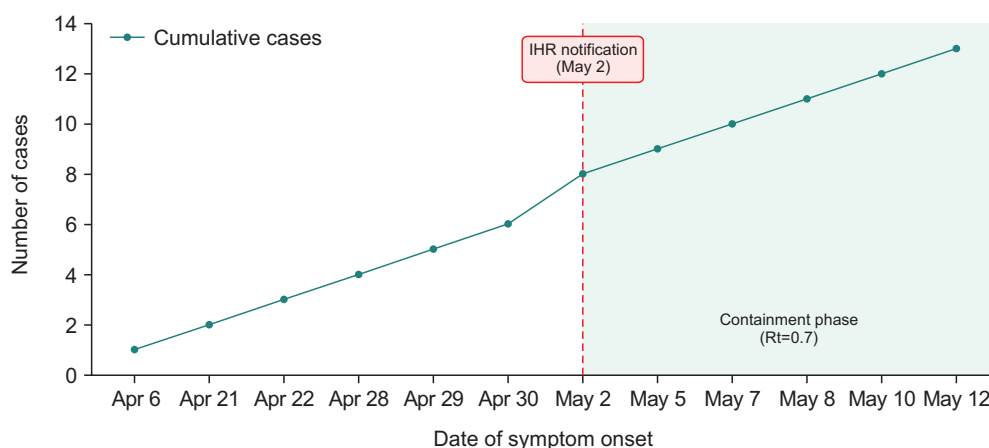


Figure 1. Cumulative case curve of the 2026 MV Hondius outbreak (n=13) before and after the coordinated public health response

Dashed line indicates the IHR on May 2, while the shaded area denotes the subsequent containment phase ($R_t=0.7$). IHR=International Health Regulations; R_t =effective reproduction number.

of severe acute respiratory illness that included two deaths and one critically ill patient [16].

As of May 27, 2026, a total of 13 people had been infected (11 confirmed, 2 probable), and 3 had died (2 confirmed, 1 probable) [18]. The case fatality rate based on the initial 8 cases was reported as 38%, and the case fatality rate based on 13 cases was approximately 23%. In the cumulative epidemic curve, after an increase in cases following the index case on April 6, a slowing in the rate of increase is observed following multinational cooperation around the IHR notification on May 2 (Figure 1). The time of occurrence is consistent with the known incubation period of ANDV and supports the possibility of shipboard person-to-person transmission. Preliminary genomic analysis also showed nearly identical genomes with one or fewer single-nucleotide polymorphism (SNP) differences between patients. Therefore, it was assessed as highly likely that the outbreak originated from a single or a very small number of zoonotic spillover events [18]. As of May 22, the estimated effective reproduction number (R_t) was 0.7, less than 1.0, which means that the epidemic has entered a decreasing phase [18].

Advanced age, crowded living spaces, exposure to shared indoor spaces, and close contact during caregiving and medical treatment are suggested as factors contributing to transmission. The mean age of the passengers was approximately 65 years, and the proportion of individuals with comorbidities was also substantial. Passengers shared cramped cabins and had prolonged contact in indoor common areas, such as dining halls and lounges. Cases involving infection of the ship's physician and a guide who cared for the patient suggest that close contact during caregiving and medical treatment may have served as a route of further transmission [5,18]. Particularly early in the

illness, because the causative pathogen had not been identified and ANDV infection was not suspected, it is presumed that the ship's physician and the guide who cared for the patient had close contact without wearing appropriate personal protective equipment (PPE), such as respiratory protection. This finding shows that healthcare personnel and accompanying persons may be exposed to the risk of transmission when treating or caring for patients with nonspecific severe respiratory illness at a stage before the cause is identified, and suggests the importance of early recognition and preemptive infection control based on Standard and Droplet Precautions.

International Response Framework and Patient and Contact Management

Immediately following the report, WHO activated its three-level coordination mechanism and led multinational cooperation in accordance with the IHR (2005). The ship's healthcare personnel; the flag state, the Netherlands; the country of departure, Argentina, and the neighboring country, Chile; and the British territories (St Helena and Ascension), Cabo Verde, South Africa, Switzerland, and Spain, which were involved in the port calls and medical evacuations, participated in the response [16,18]. The core of the response was patient isolation, rapid medical evacuation of symptomatic individuals, and systematic tracing and monitoring of contacts. Because ANDV is unlikely to be transmitted through short-term contact alone, such as sharing a flight, contacts were managed by classifying them as high-risk or low-risk according to the intensity of exposure.

For high-risk contacts, quarantine and daily symptom monitoring for 42 days (6 weeks) after the last exposure were

recommended [5,19]. This conservative criterion reflects the fact that the incubation period of ANDV can be as long as 6 weeks or more. As of May 14, 2026, more than 440 contacts in more than 30 countries were subject to quarantine or health monitoring [18]. Specimens were analyzed by RT-PCR, nucleotide sequence analysis, and metagenomics, and WHO also pursued the development of natural history study protocols and scientific consultation on medical countermeasures. Meanwhile, repeated PCR testing of asymptomatic high-risk contacts can lead to a false sense of security due to false-negative results, as well as resource consumption; therefore, it was recommended that caution be exercised in the interpretation of test results and in providing psychological support [19].

Infection control within healthcare institutions was also an important pillar of the response. Because ANDV can be transmitted from person to person via respiratory secretions, it was recommended to apply Droplet and Contact Precautions in addition to Standard Precautions when caring for confirmed or suspected patients, and to wear an N95 (or equivalent) respirator, eye and face protection, a gown, and gloves in accordance with Airborne Precautions during aerosol-generating procedures (such as endotracheal intubation, bronchoscopy, non-invasive positive-pressure ventilation, and suctioning) [19]. Patients should, whenever possible, be placed in a private room or a negative-pressure isolation room, contact with healthcare personnel and visitors should be minimized, and medical waste and environmental surfaces should be appropriately disinfected. In this case, the infection of the ship's physician who cared for the patient demonstrates that enhanced infection control should be implemented proactively for patients with nonspecific severe respiratory illness even before the causative pathogen has been identified. Healthcare institutions in

the ROK that treat suspected cases should also routinely verify their healthcare-associated infection control systems, including the operation of negative-pressure isolation rooms, stockpiling of PPE, and procedures for monitoring healthcare personnel following exposure.

Although media attention focused on the evacuation of the cruise ship passengers, the impact borne by the small South Atlantic island communities where the vessel made port calls is also important [20]. The UK Overseas Territories along the route of the MV Hondius, including Tristan da Cunha, Saint Helena, and Ascension, were remote islands located more than 1,000 miles away and had limited medical facilities and diagnostic capacity. In Tristan da Cunha, a resident who worked as a ship guide developed illness after disembarkation, but the case was recorded as a probable case because confirmatory testing could not readily be performed locally. Therefore, even for the same pathogen, diagnostic capability and clinical outcomes may vary according to regional public health capacity, which also has implications for global health equity. However, in this case, after the Ascension Island medical director recognized the outbreak early on May 1 and established contact with South Africa's NICD through the UK Health Security Agency Overseas Territories Support Programme, specimens that were about to be discarded were recovered and ultimately led to the diagnosis [20]. Basic diagnostic capacity in remote areas and a teleconsultation system can contribute to limiting further spread.

International Public Health Risk and Domestic Relevance

WHO assessed the risk associated with this event as

“moderate” for cruise ships and “low” at the global level [16,18]. ANDV is capable of person-to-person transmission, but its transmission efficiency is lower than that of viruses easily spread by respiratory droplets, and transmission requires prolonged close contact. In addition, control is possible through early detection, isolation, and contact management. The estimated R_t of 0.7 also supports this assessment. Factors that increase the risk include the crowded and enclosed environment of cruise ships, the high proportion of older adults and individuals with comorbidities, the movement of multinational passengers to multiple countries during the incubation period after disembarkation, and the difficulty of tracing resulting from the long incubation period. Conversely, limited transmission efficiency, the absence of efficient droplet or airborne transmission, rapid recognition and multinational cooperation, and the fact that the rodent vectors are confined to South America are factors that reduce the risk.

Regarding the situation in the ROK, the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) assessed the risk to the general public as “low” on the basis that the rodent vectors for HCPS are not present in the country and no imported cases have been reported [21]. However, as the possibility remains that travelers who have visited endemic areas in South America may develop the disease after entry, it is necessary to obtain a travel history and conduct surveillance of suspected cases. HFRS, which occurs annually in the ROK, is a disease caused by HTNV and Seoul virus and differs from ANDV-associated HCPS in terms of causative pathogen and clinical presentation. In the context, this distinction should be clearly explained.

In relation to this incident, the KDCA conducted a risk assessment and issued prevention guidelines for healthcare personnel and the public, and designated ANDV infection as a

disease subject to reporting and management so that reporting, testing, and contact management would be linked upon the occurrence of a suspected case [21]. From a diagnostic perspective, a key consideration is the difference in test targets and methods. Since the diagnosis of HFRS conventionally performed in the ROK targets Old World hantaviruses such as HTNV and Seoul virus, infections with New World hantaviruses such as ANDV and SNV can be missed if the test targets do not match. Therefore, in suspected patients with a travel history to South America, infection should not be ruled out solely by tests limited to specific species; pan-hantavirus RT-PCR capable of broad detection across the Hantavirus genus and species identification through nucleotide sequence analysis are required. In fact, in the cruise ship case, a hantavirus was first confirmed by pan-hantavirus RT-PCR, and ANDV was subsequently identified by L-segment nucleotide sequence analysis [17]. It is appropriate to follow guidance from the KDCA regarding specific diagnostic algorithms and test referral pathways, including the potential cross-reactivity of species-specific primers and the introduction and operation of pan-hantavirus testing. In preparation for possible introduction into the country, capacity for pan-hantavirus detection and sequence-based species identification should be secured and routinely reviewed during non-outbreak periods.

Lessons Learned and Directions for Future Response

First, even pathogens with rare person-to-person transmission can be amplified into cluster outbreaks in closed and crowded environments, such as cruise ships and long-term care facilities. To prepare for public health incidents on

conveyances such as ships, guidelines on ventilation, isolation, and separation of movement pathways, as well as an early detection and reporting system for onboard healthcare personnel, must be established in advance.

Second, considering the long incubation period, HCPS should be included in the differential diagnosis of patients with fever and respiratory symptoms who have a history of travel to South America. Instructing patients to disclose their travel history to healthcare personnel is also a prerequisite for early recognition. To this end, it is necessary to raise awareness among frontline healthcare personnel and public health centers.

Third, in this incident, IHR-based information sharing among the flag state, countries of ports of call, the country of departure, and WHO contributed to initial control. This approach can be regarded as a model for international cooperation in responding to cluster outbreaks occurring aboard cross-border conveyances. To prepare for possible introduction into the country, the rapid diagnostic system based on RT-PCR and nucleotide sequence analysis, procedures for reporting and managing suspected cases, and the specimen transport system should be reviewed and verified during non-outbreak periods.

Fourth, risk communication should be treated as part of the control strategy. In situations where there is high public sensitivity to a new respiratory infectious disease, the message that “the domestic risk is low, but caution is needed when traveling to areas with ongoing transmission” must be communicated consistently [21]. When healthcare personnel, public health centers, and the media share the same key information, they can reduce excessive anxiety and encourage necessary preventive actions.

Fifth, the fact that person-to-person transmission of ANDV can be driven by a small number of superspreaders has direct

implications for control strategies. Just as the effective reproduction number decreased from 2.12 to 0.96 following isolation measures during the 2018–2019 outbreak in Argentina [4], risk-stratified surveillance, which involves the early identification and isolation of patients at high risk of transmission, such as those with a high viral load or severe disease, may be efficient in settings with limited resources. The estimated R_t of 0.7 in this cruise ship case also supports the importance of early recognition and isolation.

Sixth, hantavirus remains a persistent public health threat, with sporadic infections and deaths reported even during the coronavirus disease 2019 pandemic [22]. Since developing vaccines and antiviral agents takes time, long-term preparedness investments—including genomic and proteomic data-sharing platforms during non-emergency periods, international research collaboration, and computational identification of new drug and vaccine candidates—must be pursued in parallel [22].

In conclusion, the 2026 ANDV cluster outbreak on a cruise ship demonstrated that a hantavirus capable of person-to-person transmission can progress to a cluster outbreak in a closed, crowded environment. Once the epidemiological investigation is complete, the transmission patterns and contributing factors will be more precisely elucidated, and the results can be used as evidence to support future preparedness for zoonotic infections in conveyances and congregate settings. The necessary response at this stage is clear. Travel history to South America and close-contact history should be actively assessed, suspected cases should be recognized early, and domestic and international coordination and risk communication systems should be routinely reviewed and verified during non-outbreak periods.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The author has no conflicts of interest to declare.

References

1. Lee HW, Lee PW, Johnson KM. Isolation of the etiologic agent of Korean hemorrhagic fever. *J Infect Dis* 1978;137:298-308.
2. Nichol ST, Spiropoulou CF, Morzunov S, et al. Genetic identification of a hantavirus associated with an outbreak of acute respiratory illness. *Science* 1993;262:914-7.
3. Jeyachandran AV, Irudayam JI, Dubey S, et al. Differential tropisms of old and new world hantaviruses influence virulence and developing host-directed antiviral candidates. *PLoS Pathog* 2025;21:e1013401.
4. Martínez VP, Di Paola N, Alonso DO, et al. "Super-Spreaders" and person-to-person transmission of Andes virus in Argentina. *N Engl J Med* 2020;383:2230-41.
5. World Health Organization (WHO). Management of contacts of Andes virus (ANDV) cases from the MV Hondius cruise ship. WHO; 2026.
6. Wells RM, Sosa Estani S, Yadon ZE, et al. An unusual hantavirus outbreak in southern Argentina: person-to-person transmission? *Emerg Infect Dis* 1997;3:171-4.
7. Padula PJ, Edelstein A, Miguel SD, López NM, Rossi CM, Rabinovich RD. Hantavirus pulmonary syndrome outbreak in Argentina: molecular evidence for person-to-person transmission of Andes virus. *Virology* 1998;241:323-30.
8. Martínez VP, Bellomo C, San Juan J, et al. Person-to-person transmission of Andes virus. *Emerg Infect Dis* 2005;11:1848-53.
9. Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, et al. Person-to-person transmission of Andes virus in hantavirus pulmonary syndrome, Argentina, 2014. *Emerg Infect Dis* 2020;26:756-9.
10. Martínez-Valdebenito C, Calvo M, Vial C, et al. Person-to-person household and nosocomial transmission of Andes hantavirus, southern Chile, 2011. *Emerg Infect Dis* 2014;20:1629-36.
11. Ferrés M, Martínez-Valdebenito C, Henriquez C, et al. Viral shedding and viraemia of Andes virus during acute hantavirus infection: a prospective study. *Lancet Infect Dis* 2024;24:775-82.
12. Chaparro J, Vega J, Terry W, et al. Assessment of person-to-person transmission of hantavirus pulmonary syndrome in a Chilean hospital setting. *J Hosp Infect* 1998;40:281-5.
13. Toledo J, Haby MM, Reveiz L, Sosa Leon L, Angerami R, Aldighieri S. Evidence for human-to-human transmission of hantavirus: a systematic review. *J Infect Dis* 2022;226:1362-71.
14. Pan American Health Organization (PAHO). Epidemiological alert hantavirus pulmonary syndrome in Americas region - 19 December 2025. PAHO; 2025.
15. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Hantavirus infection - Annual Epidemiological Report for 2023 [Internet]. ECDC; 2025 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/hantavirus-infection-annual-epidemiological-report-2023>
16. World Health Organization (WHO). Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, multi-country [Internet]. WHO; 2026 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON599>
17. Andes Virus Outbreak Working Group. Andes hantavirus outbreak on a cruise ship, 2026. *NEJM Evid* 2026;5:EVI-Dpha2600170.
18. World Health Organization (WHO). Hantavirus outbreak linked to cruise ship travel, multi-locations [Internet]. WHO; 2026 [cited 2026 Jun 10]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON604>
19. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Rapid scientific advice on laboratory testing of Andes virus (ANDV) for high-risk contacts under the MV Hondius outbreak. ECDC; 2026.
20. Dryden M, Blumberg L, Weyer J, et al. Cruise ship hantavirus outbreak in remote island communities. *Lancet* 2026;407:2285-6.
21. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Domestic risk assessment and prevention guidance on

hantavirus cardiopulmonary syndrome (Andes virus infection) reported on an overseas cruise ship. KDCA. 2026 May 8.

22. Khan A, Khan M, Ullah S, Wei DQ. Hantavirus: the next pandemic we are waiting for? *Interdiscip Sci* 2021;13:147-52.

유산소 신체활동 실천율 추이, 2015-2024년

19세 이상 유산소 신체활동 실천율은 2024년 52.1%로 최근 3년간 남녀 모두 큰 변화가 없었다(그림 1). 유산소 신체활동 실천율은 남자(54.7%)가 여자(49.3%)에 비해 높았고, 연령별로는 남녀 모두 20대에서 가장 높았다(그림 2).

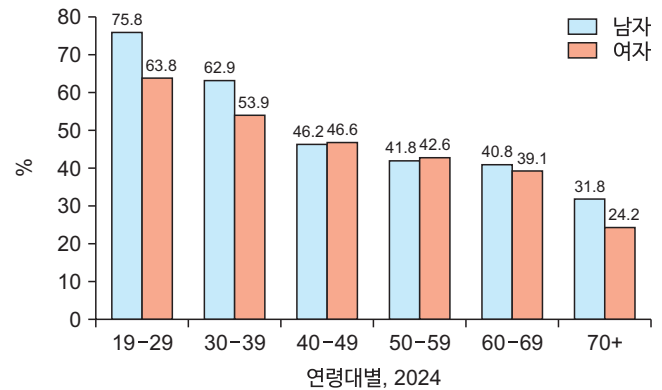
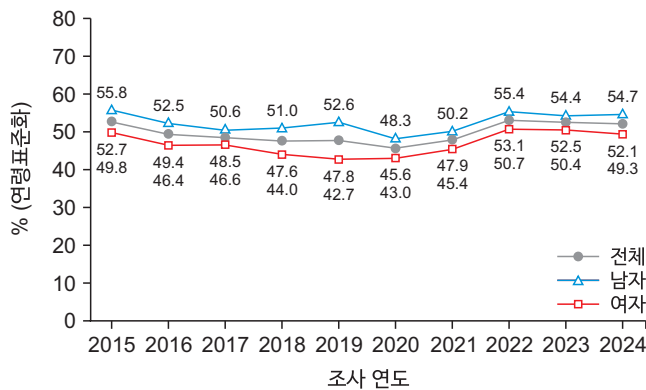


그림 1. 유산소 신체활동 실천율 추이, 2015-2024년

*유산소 신체활동 실천율: 일주일에 중강도 신체활동을 2시간 30분 이상 또는 고강도 신체활동을 1시간 15분 이상 또는 중강도와 고강도 신체활동을 섞어서(고강도 1분은 중강도 2분) 각 활동에 해당하는 시간을 실천한 비율

†그림 1의 연도별 지표값은 2005년 추계인구로 연령표준화

그림 2. 성·연령별 유산소 신체활동 실천율, 2024년

출처: 2024년 국민건강통계, <https://knhanes.kdca.go.kr/>

작성자: 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과 김지희

QuickStats

Trends in the Prevalence of Aerobic Physical Activity, 2015–2024

The age-standardized prevalence of Korean adults aged 19 years and over who performed aerobic physical activity was 52.1% in 2024, showing no significant change over the past 3 years (Figure 1). As of 2024, the prevalence of aerobic physical activity was higher in men (54.7%) than in women (49.3%), and the highest in their 20s (Figure 2).

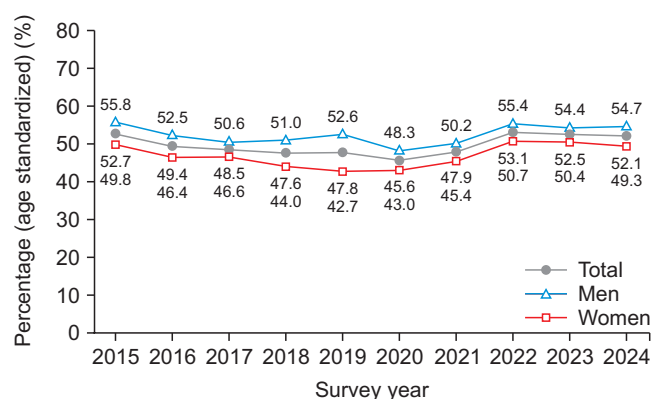


Figure 1. Trends in the prevalence of aerobic physical activity, 2015–2024

*Prevalence of aerobic physical activity: percentage of people who spent time corresponding to each activity; more than 2 1/2 hours of moderate-intensive physical activity a week or more than 1 hour and 15 minutes of high-intensity physical activity a week or mixing moderate and high-intensive physical activity (1 minute of high-intensity is equivalent for 2 minutes of moderate-intensity).

†The mean in Figure 1 was calculated using the direct standardization method based on a 2005 population projection.

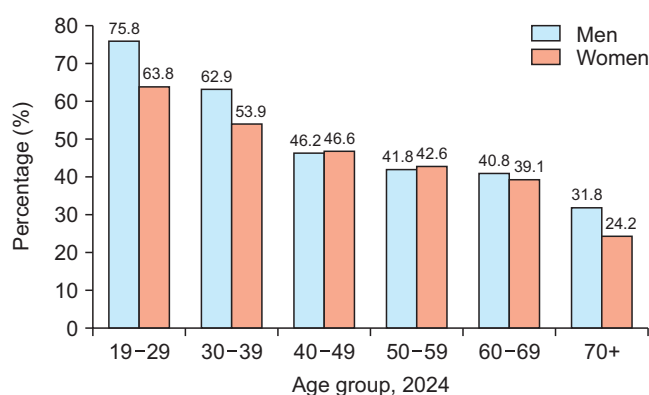


Figure 2. Prevalence of aerobic physical activity by sex:age group, 2024

Source: Korea Health Statistics 2024, Korea National Health and Nutrition Examination Survey, <https://knhanes.kdca.go.kr/>

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