

국내 삼일열 말라리아의 발생 추이 분석

Assessments on trend of malaria prevalence in Republic of Korea

질병관리본부 국립보건연구원 말라리아기생충과
김정연

I. 들어가는말

말라리아는 열룩날개모기가 매개 전파하는 감염병으로, 열원충(*Plasmodium* 속) 원충이 사람의 적혈구를 침범하여, 발열, 오한, 간·비 종대 등의 증상을 나타내는 질환이다. 또한 세계 104개국에서 발생하며, 10억 명 이상이 말라리아의 위험에 노출되어있으며 이중 연 3억 명 이상의 말라리아 환자가 발생하고 연간 100만 명 이상의 사망자가 발생하는, 인류에게 중대한 질병 중 하나이다. 인체에서 발생하는 말라리아는 열대열원충(*Plasmodium falciparum*), 삼일열원충(*P. vivax*), 사일열원충(*P. malariae*), 난형열원충(*P. ovale*) 4종의(최근 원숭이열원충, *P. knowlesi* 이 추가되어 5종) 열원충이 모기를 매개체로, 인체를 숙주로 감염하여 적혈구 또는 전적혈구 세포 내에서 증식하면서 발열 등의 증상을 유발하는 질병이다. 이중 국내에서 주로 발생하는 말라리아는 *Anopheles* 속 모기종에 의하여 매개되는 *P. vivax* 원충에 의한 전적혈구세포감염에

의해 발생하는 삼일열 말라리아이다.

삼일열 말라리아는 국내에서 학질이라는 통상 명칭으로 불리는 대표적인 풍토병이었다. 그러나 서양 의약품의 보급 등 한국경제의 근대화와 함께 급격히 감소하는 현상이 발생하였고, 한국 전쟁 후 다시 증가하기도 하였으나 정부와 WHO (World health organization)의 노력으로 1979년 마침내 한국은 말라리아 완전 퇴치 지역으로 선언되었다[1]. 그러나 1993년 북한과 인접한 전방에서 근무하는 군인에게서 삼일열

CONTENTS

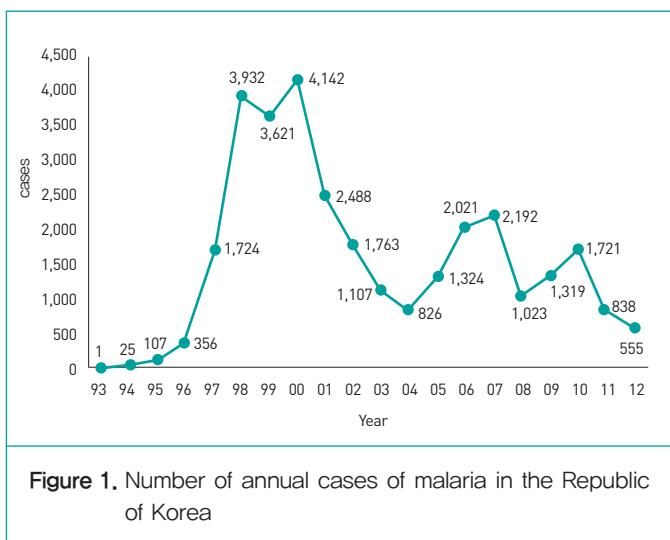
- 237 국내 삼일열 말라리아의 발생 추이 분석
- 242 유전자변형생물체 인체위해성 심사항목 및 의사결정단계 개선
- 250 제 4회 결핵예방의 날
- 253 주요통계 : 인플루엔자/ 폐렴 및 인플루엔자 사망분율/ 법정감염병

말라리아가 재출현 한 후, DMZ (Demilitarized zone) 인근 지역을 중심으로 2012년까지 연간 500-4000명 수준의 환자가 발생하였다(Figure 1). 2013년에도 지속적으로 발생하여, 500명 이상의 삼일열 말라리아 환자가 발생하였다. 따라서 본 글은 관련 문헌 고찰과 더불어 내부 사업 등을 통해 얻은 결과를 정리하여 최근의 발생추이를 분석하였다.

II. 몸 말

A. 말라리아 현황

1993년 재출현한 삼일열 말라리아는 현재까지 20년간 경기북부 지역에 지속적으로 출현하였으며 그간 발생빈도의 증가와 감소를 반복하며 큰 변동을 보여 왔다(Figure 1).



지금까지 각각 1998-2000년, 2007년, 2011년에 해당하는 3번의 정점(Peak)를 보이면서, 점차 발생빈도가 감소하는 추세다. 1997년부터 시작된 군부대 내 항말라리아 제제 예방적 투약과 중앙 부처 및 지자체가 함께하는 방역 등도 감소의 한 원인으로 사료되지만 2007년과 2011년 이후 급감하는 양상의 연간 변동성 원인은 강수량 변동 등의 환경적 영향으로 주로 간주되기도 한다[2]. 1996년 이전에는 87%-100% 환자가 군인이었으나, 점차 감소하여 1997-2000년에는 60-80%가 군인이었고 2007년에는 약 40%로 낮아지면서, 현재까지 민간인 위주의 환자 발생 신고가 보고되고 있다[3].

B. 삼일열원충 MSP-1 유전자 다양성의 다변화

말라리아기생충과에서는 재유행 직후인 1996년부터 최근까지 장기간에 걸쳐 삼일열원충의 유전자 중 가장 변이가 다양한 'MSP-1 유전자'의 다형성을 분석해 오고 있다. 그 결과, 재유행 초기에는 한가지 유전형(Recombinant type)만이 존재하다가, 2000년 이후 새로운 아형이 출현(Sal-1 type, Belem type) 하면서 점차 증가하기 시작하여 2008년에 3개의 유전형에서 파생되는, 6개의 아형이 분포하는 것을 확인하였고 그 이후로도 지속적으로 새로운 아형이 발견되어 재조합 유전형의 변화가 다양해지는 것이 관찰되었다. 이는 한국의 유행지역 내에서 원충과 모기의 생활환경이 지속되면서 그 가운데 원충의 유전형이 변화하고 있음을 보여주고 있어 또한 국외 등으로부터 새로운 유전자형이 신규 도입 되었을 가능성도 내포하면서 말라리아 원충의 변화가 가속화되고 있음을 시사하는 것이다[4, 5].

C. 국내 유입 삼일열 말라리아 열원충의 고유 분포지역

한편, 국내 재출현 말라리아는 DMZ 인근 지역에서 주로 발생하고 있는 지리적인 여건과 현재도 지속되는 북한의 높은 발생율을 감안할 때 북한의 영향을 많이 받는다고 추정되고 있다. 북한의 말라리아 발생률은 2001년에 군인을 제외한 민간인 환자만 30만 명 이상이 발생하는 수준으로 보고된 바 있으며, 유일하게 북한 자료를 알 수 있는 WHO/SEARO를 통하면 최근까지도 매년 수 만 명 이상의 환자가 발생하는 것으로 보고된 바 있다. 이에 따라 북한으로부터 말라리아에 감염된 매개모기(*Anopheles* 속 모기)의 유입이 주요 감염 경로중의 하나일 것으로 추정되기도 한다. 그러나 최근 *P. vivax*의 미토콘드리아 유전형을 분석한 3건의 연구에 의하면 국내에 분포하는 *P. vivax* 개체군은 남중국에서 발생하는 열원충과 연관성이 높은 것으로 나타났다[6-8]. 중국 남부지역 열원충과 국내 열원충간의 유전적 연관성(친연도)이 높다하더라도 북한 유래설을 배척하는 증거는 될 수 없을 것이다. 북한 유래 시료를 분석하지 못했기 때문에 북한과 무관하게 중국과의 연관성만을 단정 지을 수 없기 때문이다. 단지 중국 중부지역에서 우점하는 열원충이 남중국에서 우점하는

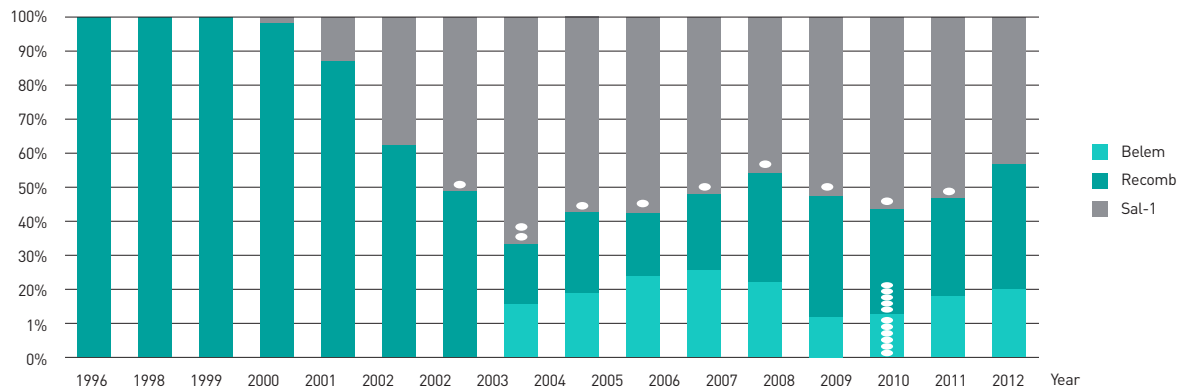


Figure 2. Frequency of PvMSP types in Korea during the study period (1996–2010)

White spots indicate the subtypes of Sal-1 type Belem type and Recombinant types. No spot region indicates only one subtype.

열원충보다 국내 우점하는 열원충과 더 비슷한 이유를 찾아야 할 필요성을 제기하는 연구결과이며, 앞선 MSP-1의 결과에서도 한 타입이 중국과 일치하는 면을 보인 것으로 보아 중국과 어느 정도 교류가 있을 가능성이 추정되었다. 따라서 유전자형을 기반으로 한국과 북한을 아우르는 한반도의 분석, 그리고 중국의 시료를 총체적으로 분석해 보아야 할 필요성 및 필수성이 시사된다.

D. MS 유전자변이 분석에 근거한 군집구조 분석

상기 자료와 같이 그간 국내 발생 삼일열 말라리아의 열원충의 개체군 구조(Population structure)는 주로 항원유전자의 변이에 근거한 유전형 분석 위주로 이루어져 왔다. 하지만 항원단백질의 유전자는 단일 원충 유전체 내에 복수로 존재할 수 있고, 숙주의 면역계에 의하여 매우 강한 자연선택을 받으므로 원충들의 계통적 친연성을 보여주기에 조금 부족한 부분이 있다. 따라서 삼일열원충의 Genome project 가 완결된 후, 즉 *P. vivax*의 14개 염색체 전장의 염기서열이 판독된 이후부터는 현미부수체(Microsatellite, MS)를 이용한 개체군 구조 연구가 활발히 이루어지고 있다. MS는 진화적으로 중립적인 성향이 높아 계통적 친연성을 잘 표현하고 개체군의 구조를 보다 고해상도로 조명할 수 있으며 특히 수개 또는 수십개의 좌위(Locus)를 이용한 분석이 가능하다.

우리도 연구용역을 통하여 이러한 MS 연구를 진행하면서 국내에 분포하는 *P. vivax*의 개체군 구조를 보다 면밀히 파악할 수 있게 되었다. 2009년 첫 연구용역을 통하여 국내에 분포하는 열원충이 전반적으로 파악되었고 1996–2007년 기간 동안 채집된 시료 중 무작위로 추출하여 약 12개 MS좌위의 분포에 근거한 분석을 실시한 결과, *P. vivax* 유전체에서 2004년까지는 단일 클론(Clone)이 확장하면서 감염빈도가 높아지는 양상을 보인 반면, 2006년 이후로는 동일 시료 내 상이한 대립형질 Allele이 공존하는 시료들이 검출되고 유전적 다양성이 급증한 양태를 보였다. 또한, 감염 시기와 장소에 따라 파주 지역과 김포 지역이 상이한 개체군을 형성하는 경향성을 보이면서 3개의 독립된 계통이 확인되었다[9]. 이 연구용역 결과는 앞서 내부 연구를 통해 제시한 항원유전자의 변이 양상 결과를 MS 유전자 결과로 증명하는 결과를 보였다. 또한 일본의 공동연구자(Tanaka 교수팀)과 함께 실시한 결과에서도 동일하게 나타났다. 항원유전자의 변이가 없었던 ‘1997–2000’년에 수집된 검체 그룹과 유전자 변이가 다양화된 이후인 2007년에 발생한 검체 그룹 13개의 MS좌위 유전형으로 비교해서 분석해 보았을 때 국내 초기 집단은 단 두개의 유전형이 82%의 우점도를 보이는 단순한 구조를 형성하는 개체군(즉, Inbreeding)이었으나 2007년도 채집된 원충 집단은 매우 다양한 유전형을

1) 일정한 지역에 우세하게 분포함을 의미

보여 Outbreeding 집단으로 파악되었다[10].

또한 분포지역을 보다 제한하고 시간의 변화에 따른 원충 유전형의 변동을 관찰한 최근의 한 연구는 ‘1994-2009’년 동안 휴전선 인근에서 근무한 군인 환자들에서 채취된 시료만을 사용하여 MS 자위 10개에 대한 분석을 실시하기도 하였다. Iwagami 등[11]은 군대 내에서 감염된 삼일열 말라리아 원충을 대상으로 연구하였다. 군인환자 시료를 ‘1993-1998년’, ‘1999-2003년’, ‘2004-2008년’의 3시기로 구분하여 MS 유전자 변이의 다양성을 분석해본 결과, 주요 2개 집단이 존재하며 유전적 다양성이 증가했다고 보고하였다. 즉, 2003년까지 군인 환자에서 발생한 말라리아 열원충의 다양성은 미미하였으나, 이후 새로운 유전형이 높은 빈도로 출현하면서 그 다양성이 발생하는 것으로 보고하여, 과거 말라리아기생충과에서 수행한 ‘민간인환자를 중심으로 진행된 연구[4]와 동일한 결과를 보여주었다.

이러한 경향을 보다 과학적으로 파악하고 근거를 확보하기 위하여 최근 연구용역을 통해서 MS를 기반으로 삼일열 원충의 ‘염색체 단위 유전형 변이를 분석’하여 특성을 파악하였다. 본 연구에서는 개체군의 구조를 보다 고해상도로 분석하기 위하여 43개의 MS자위를 사용하였고, 근거의 질을 높이기 위하여 시료도 최근 3년간(2010-2011) 채집된 시료를 조사하였다. 그 결과, 클론 형태의 열원충 진화가 주로 관찰되었으나, 낮은 빈도로 유성생식에 의한 염색체 재조합이 관찰되었고, 또한 재조합 유전형이 지속적으로 존재하며 확장하는 형태를 보였다[12]. 한편, 국내 열원충의 유전형을 행정지역별로 구분하여 분석하였을 때 김포, 강화, 파주, 철원 지역에서 다양한 유전형이 분포하였다(Figure 3). 그러나 동일 계통 집락에 속하는 원충 유전형이 강화, 김포, 파주, 철원 전 지역에서 발견되는 양상으로 나타나, 원충 집단에서 유전형 확산이 발생하는 지리적 규모는 ‘시/군/구’ 규모 보다 작은 수인 km 단위의 소규모 지역에서 중심점(Epicenter)이 형성되는 지역적 분화가 있는 것으로 사료되었다. 특히 발생빈도가 높은 강화와 김포지역에 주요 유전형이 전반적으로 분포하여, 이곳에 Epicenter가 집중적으로 분포할 것으로 예상되었다(Figure 4).

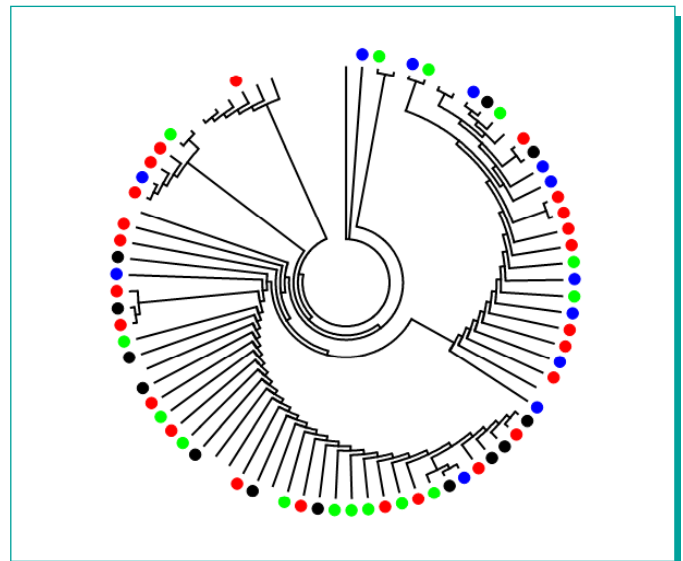


Figure 3. Phylogenetic relationships among *P. vivax* strains caused malaria in the Republic of Korea in 2010-2011. (Symbols: red= Ganghwa, green= Gimpo, blue= Paju, black= Cheollwon, blank =other districts or unknown).

결과적으로 국내 삼일열 말라리아 원충은 활발한 유성생식에 의한 유전자 재조합 과정을 거쳐 부분적으로 Clonal 하게 확산되는 양상이 관찰되었으며 이는 지역적으로 중심지(Epicenter)가 형성된 지점이 수개 이상의 장소에 있고, 지역적 확산 과정에서 유성생식이 발생하는 메타개체군(Meta population) 구조가 될 것으로 추측되었다. 따라서 2013년도에서는 열원충 메타개체군의 집단 유전학적 특성을 분석하여 유전형의 지리적 분포와 말라리아 전파과정 사이의 상관관계를 파악함을 목적으로 수행하였다[13]. 특히 계통도에서 각 유전형을 상위 Branch로 묶고 지역을 시, 군,

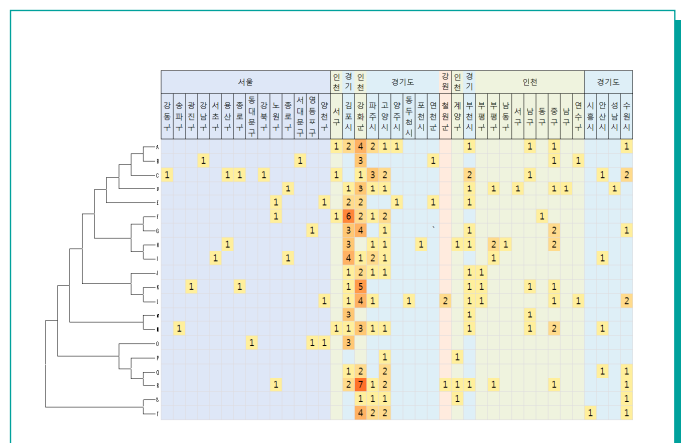


Figure 4. Relationship of phylogenetic relatedness and geographic location of clinics that provided samples. (●: Foreigners, n=13).

단위로 축약하여 분석한 결과 43%의 시료가 김포, 강화, 파주, 고양시에서 발생함을 쉽게 파악할 수 있었다(Figure 4). 상위 Branch 로 묶은 유전형을 A-T 까지 설정하여 유전형 군집이 어느 지역에 집중적으로 분포하는지 파악한 결과, A, M, R 유전형은 인천, 경기지역에서만 나타나는 특징을 보였다(Figure 4). 즉, 주요 다발생 지역은 김포시, 강화군, 파주시, 고양시의 일부 읍, 면 동으로 나타났다. 특이점은 각 지역별로 유전형이 상이하였으며 같은 지역 내에서도 북단 또는 동서간에 차이를 보였다. 산지, 주거지, 농지가 서로 인접하는 곳이 대부분으로 앞으로 토지이용 형태, 인구밀집도 및 이동 등의 지리적 정보를 활용한 생태학적 분석으로 말라리아 전파양상을 파악할 수 있을 것으로 보인다. 따라서 향후, 지리학적 정보 및 환경과의 연관성 분석을 예정하고 있다. 이러한 말라리아 다발생 지역을 중심으로한 환자 관리, 집중 방역 등 선택적 관리를 통하여 말라리아 퇴치사업의 효율을 증진시킬 수 있을 것으로 기대되었다.

III. 맺는 말

본 연구 결과, 집단 유전학적 방법에 의하여 국내 삼일열 말라리아 열원충의 개체군 구조는 고위험 지역인 김포-강화 지역에서 전국단위로 전반적으로 관찰할 수 있는 유전형이 거의 다 존재하는 것으로 확인되었다. 따라서 '김포-강화'의 지역은 유성생식을 통한 유전적 다양성을 생산하는 다발생 지역으로 작용하고 있다고 볼 수 있다.

강화-김포-파주-고양 지역의 군인 집단과 농·어업에 종사하는 민간인 집단을 대상으로 예방 및 관리 사업을 강화하고 지역 방역에 주력해야 할 것이다.

비록, 국내 삼일열 말라리아의 연간 발생수가 지속적인 감소의 경향을 보이나, 일정 수준의 발병률이 지속적으로 유지되는 현상을 보이므로, 1970년대 이전과 같이 풍토성 질병으로 장기적으로 발생할 우려가 있다.

따라서 말라리아기생충과에서는 2014년도에는 지역의 인구 요소와 변이의 상관관계를 파악하여 환자관리 중점지역(Hot

spot)을 판정하고 집중관리하여 국가 말라리아 관리정책의 과학적 근거를 제시하고자 한다.

IV. 참고문헌

1. World Health organization. 1981. Synopsis of the world malaria situation in 1979. Wkly Epidemiol Rec 56:145-149.
2. 박재원. 2004. 우리나라의 삼일열 말라리아 현황. 대한의사협회지.
3. 말라리아관리지침. 2013. 질병관리본부.
4. Choi YK, Choi KM, Park MH, Lee EG, KIM YJ, Lee BC, Cho SH, Rhie HG, Lee HS, YU JR, Lee JS, Kim TS and Kim JY. 2010. Rapid Dissemination of Newly Introduced Plasmodium vivax Genotypes in South Korea. Am. J. Trop. Med. Hyg., 82(3), pp. 426-432.
5. KIM JY, Suh EJ, Yu HS, Jung HS, Park IH, Choi YK, Choi KM, Cho SH, Lee WJ. 2011. Longitudinal and Cross-Sectional Genetic Diversity in the Korean peninsula based on the P. vivax merozoite surface protein gene. Public Health Res Perspect 2(3), 158-163.
6. Iwagami M, Hwang SY, Fukumoto M, Hayakawa T, Tanabe K, Kim SH, Kho WG, Kano S. 2010. Geographical origin of Plasmodium vivax in the Republic of Korea: haplotype network analysis based on the parasite's mitochondrial genome. Malar J 9:184.
7. Miao M, Yang Z, Patch H, Huang Y, Escalante A, Cui L. 2012. Plasmodium vivax populations revisited: mitochondrial genomes of temperate strains in Asia suggest ancient population expansion. BMC Evolutionary Biology 12:22.
8. Taylor JE, Pacheco MA, Bacon DJ, Beg MA, Dantas Machado RL, Fairhurst RM, Herrera S, Kim J-Y, Menard D, Petchvong MM, Villegas L, Mulyanto, Snounou G, Cui L, Zeyrek FY, Escalante AA. 2013. The evolutionary history of Plasmodium vivax inferred from mitochondrial genomes: parasite genetic diversity in the Americas. Molecular Biology and Evolution.
9. 박재원, 조영근, 나병국. 2009. 한국형 말라리아 토착화 차단 시스템 구축, 질병관리본부.
10. Honma H, Kim JY, Palacpac NM, Mita T, Lee W, Horii T, Tanabe K. 2011. Recent increase of genetic diversity in Plasmodium vivax population in the Republic of Korea. Malar J 10:257.
11. Iwagami M, Fukumoto M, Hwang SY, Kim SH, Kho WG, Kano S. 2012. Population structure and transmission dynamics of

PlasmodiumvivaxintheRepublicofKoreabasedonmicrosatelliteDNAanalysis, PLoSNeglTropDis6:e1592.

12. 조영근. 2012. 한국형 말라리아 원충의 염색체 단위 유전형 변이와 특성연구, 최종보고서, 질병관리본부, 오송 [학술연구용역].
13. 조영근. 2013. 국내에 토착화한 삼일열 말라리아 원충 메타개체군의 지리적 분포와 동태 연구—최종보고서, 질병관리본부, 오송 [학술연구용역].

본 원고는 경성대학교 생물학과 조영근 교수가 학술연구용역으로 수행한 <한국형 말라리아 토착화 차단 시스템 구축(2009)>, <한국형 말라리아 원충의 염색체 단위 유전형 변이와 특성연구(2012)>, <국내에 토착화한 삼일열 말라리아 원충 메타개체군의 지리적 분포와 동태 연구(2013)> 연구과제 보고서의 내용을 재편집 및 발표 논문 및 관련 최신 문헌을 리뷰하여 작성하였습니다.

유전자변형생물체 인체위해성 심사항목 및 의사결정단계 개선

Improvement of decision tree & provision for
human health-risk assessment on
Living Modified Organism

질병관리본부 국립보건연구원 생물안전평가과
유민수

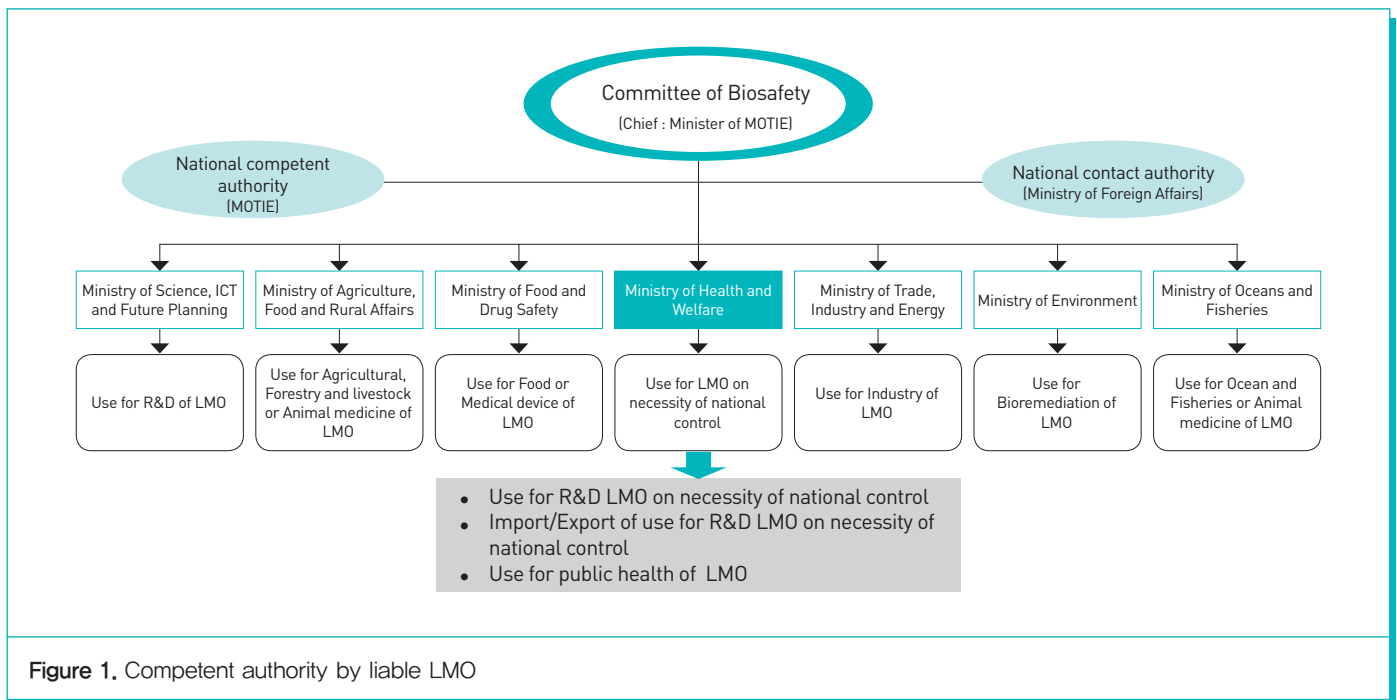
I. 들어가는말

유전자변형생물체(Living modified organisms, LMO)란 “자연 상태의 생리적 증식·재조합 또는 전통적인 교배·선택에서 사용되지 아니하는 현대생명공학기술을 이용하여 새롭게 조합된 유전물질을 포함하고 있는 생물체”이며, 『유전자변형생물체의 국가간이동 등에 관한 법률』(제11536호, 이하 LMO법률)의 정의에 따라 아래와 같은 방식으로 만들어진 생명체를 말한다.

- 1) 인위적으로 유전자를 재조합하거나 유전자를 구성하는 핵산을 세포 또는 세포내 소기관으로 직접 주입하는 기술을 활용
- 2) 분류학에 의한 과의 범위를 넘는 세포융합으로서 자연 상태의 생리적 증식이나 재조합이 아니고 전통적인 교배나 선택에서 사용되지 아니하는 기술을 활용

2014년 3월 현재, LMO는 전 세계적으로 가장 활발히 산업적으로 응용되는 생명공학산물이다. LMO의 개발 및 생산은 식량과 에너지 소비 증가 및 생명공학 기술의 산업적 활용을 목적으로 한다. 식물의 경우 319 품종의 유전자변형(Living modified, LM) 식물이 개발되었고 이중 96 품종이 국내에서 이용 승인되었다. LM동물의 경우, 유용 생리활성물질 생산 및 질환 연구모델로서 해외 10개국에서 27 품종 이상이 개발되었으며, 특히 공중보건에 영향을 미치는 위생곤충류의 발생을 조절하기 위한 보건의료용 LM곤충의 연구가 활발히 진행되고 있는 상황이다[18].

위생곤충의 공중보건 방제를 위해 개발되는 LM곤충은 그 종류가 다양하나, LM 모기를 하나의 예로 들자면 유전자 침묵(Gene silencing)¹⁾을 이용한 형질전환을 통해 자연상태에서



질병전파와 차단을 목표로 활발한 연구 및 개발이 진행되고 있다. 이렇게 LM모기를 전염병 확산을 억제하고자 하는 곳에서 강력한 무기로 활용하려는 생명공학적 시도는, 현재 뎅기열(Dengue fever) 등을 매개하는 형질전환 이집트숲 모기 등 10여종을 시작으로 그 대상이 연일 확대되는 추세에 있다[18].

이렇게 LMO의 다양한 개발과 이용이 확대될수록, LMO의 안전성에 대한 국제적 논의도 격화되고 있다. 세계 각국은 LMO가 인체 및 환경에 미칠 위해를 사전에 방지하고자 『바이오안전성에 관한 카르타헤나 의정서』(이하 의정서)를 국제협약으로 채택[1]하였다.

의정서는 전 세계적인 LMO의 생산, 관리에 대한 통제를 법률로 정하고 있으며, 대한민국 등 회원국에게 이를 이행하기 위한 국내 법률을 제정하여 LMO를 관리하도록 하고 있다. 우리나라도 LMO법률, 시행령, 시행규칙 및 통합고시를 확정지어 2008년 1월부터 시행되고 있다.

LMO법률에서는 Figure 1과 같이 각 소관에 따른 부처별 심의기구를 구성하여 심사를 진행하도록 하며 특히 질병관리 본부는 모든 LMO의 인체위해성에 대한 협의심사를 진행하도록

규정하고 있다.

질병관리본부는 현재까지 43개 Event²⁾의 LMO에 대한 인체위해성 협의 심사를 수행하고 있으나, 위해성 평가자료와 심사방식 개선에 대한 요구가 꾸준히 제기되고 있다. 또한 LMO의 직접적이거나 잠재적인 영향은 LMO의 특징, 용도 및 사용 환경에 따라 매우 다양하므로 종합적인 판단이 요구된다. 현재 LMO 위해성평가는 의정서에서 제시된 기준에 따르고 있으며 일반적으로 세계 각국은 미국의 CDC, FDA에서 시행중인 평가 프로토콜을 따르고 있는 상황이다.

더불어 최근 LM옥수수(NK603, MON816)가 래트³⁾에서 암을 유발시킨다는 논문이 ‘Food and Chemical Toxicology’ 저널에 발표된 이후, 연구방법 및 결과 자체에 대한 부적절성과 불확실성에 대한 논란이 국제적으로 진행 중이다. 이러한 상황은 그만큼 위해성 평가방법 및 체계에 개선이 필요함을 반증하고 있다[2, 8].

즉, LMO에 대한 인체위해성평가 심사항목과 심사결정을 위한 의사결정단계의 현실적 개선이 요구되어지고 있어, 본 연구를 수행하게 되었다.

1) 특정 유전자가 발현되지 않도록 처리하는 기술로, 해당 유전자를 삭제하는 유전자 삭제(Gene Deletion)와 달리, RNA 등을 이용해 발현을 침묵시킨다.

2) Event: 상품화된 LMO를 의미하는 국제공용 표기로, 상품명을 의미하는 “TM”과는 다르게 개발된 LMO 자체를 의미

3) 래트(Rat): 실험 쥐는 체중 300g 미만인 생쥐(mouse)와, 체중 300g 이상인 래트(rat, 흰쥐)로 구분되어 사용된다.

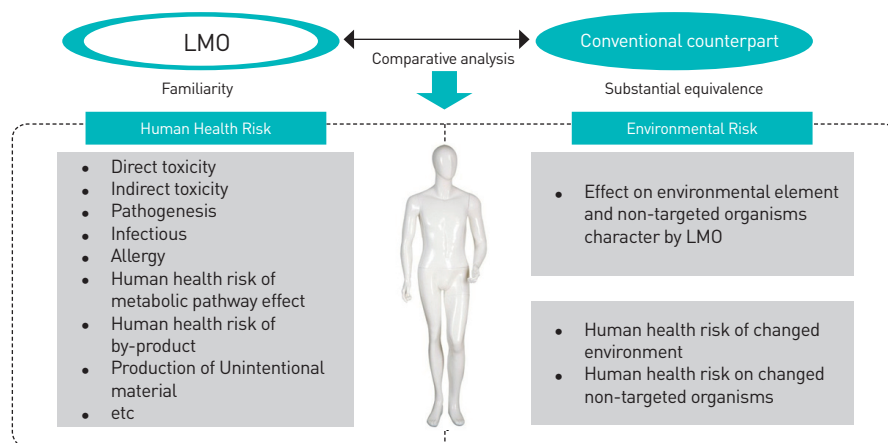


Figure 2. Risk assessment framework of LMO in Korea Centers for Disease Control(KCDC)

II. 몸 말

본 연구에서는 기존 질병관리본부의 인체위해성 평가 위해요소별 평가지표의 적합성을 검토하고, 새로운 기술 발달에 따른 평가 합리성 분석을 통해 수정 제안하고자 한다. 이를 위해 의정서 내의 평가 요소를 분석하고 국내의 현행/개정 LMO법률 통합고시의 인체위해성 평가에 대한 요소별 효율성 및 합리성의 비교 분석을 진행하였다. 평가요소는 최소한의 기준에 의해 추가요소를 발굴하여 평가 방식을 결정하였고, 추가로 반영하여야 할 요소 중 이해 당사국의 협의 내용을 최대한 벗어나지 않는 범위에서 설정하였다.

1) 현행 질병관리본부의 인체위해성 평가 체계

인체위해성평가는 특정 조건에서 위험원에 노출 시 인간에게 일어날 수 있는 악영향과 그 가능성 및 수반되는 불확실성을 규명하는 과정이다. 따라서 유전자변형생물체(LMO)의 인체위해성평가는 악영향의 원인을 규명하고 LMO의 새로운 특성에 의해 부가된 위험 및 그 발생가능성을 평가한다.

질병관리본부의 LMO의 인체위해성 평가요소는 공여체, 숙주, LMO 각각의 독성, 알레르기 및 기타 병원성에 대한 평가로 구성되어 있다. 인체위해성 심사는 평가 자료를 바탕으로 비교학적 분석(Comparative analysis)을 이용하여

LMO와 유전적으로 변형되지 않은 기존 종(Conventional counterpart)과의 상동성을 심사한다.

비교학적 분석은 의도적 또는 비의도적 차이의 규명에 초점을 둔 위해성평가의 시작이며 “실질적 동등성(Substantial equivalence)”과 “친숙성(Familiarity)”의 개념에 그 근간을 두고 있다. “실질적 동등성”은 인간에게 안전하게 이용된 역사를 갖는 기존의 생물체가 LMO의 위해성평가 수행 시 비교군으로 사용될 수 있다는데 기초를 둔다. 실질적 동등성 개념의 적용은 기존 종과 LMO 사이의 유사성과 차이점을 확인하기 위해 사용되며, LMO에 대한 인체위해성 평가는 기존 비교종(기존 종)만큼 위해성을 갖지 않음을(혹은 안전성을 갖고 있음을) 증명하는 과정이다. 실질적 동등성에 따른 분석은 같은 지역과 환경조건에서 생장된 LMO와 이에 대응하는 기존 종과의 비교 자료를 바탕으로, LMO와 대응하는 기존 종 사이의 분자생물학적·농경학적·형태학적 특성 등을 비교한다. “친숙성”은 개발되는 LMO가 생물학적 특성이 잘 알려진 생물체로부터 개발되었다는 사실에 기반을 둔다. 이 자체가 위해성평가는 아니지만, 위해성 평가자에게 생물체에 대한 사전 지식 및 경험에 근거하여 위해성을 분석할 수 있는 정보를 제공할 수 있다.

LMO의 인체위해성 평가는 과학적이고 객관적인 증거를 바탕으로 수행된다. 평가는 검증된 실험방법을 사용하여야 하며, 실험데이터는 적절한 수학적 기법을 이용하여 분석되어야 한다. 다만 LMO의 특성에 따라 직접적으로 관련이 없어

보이는 추가정보가 필요할 수 있다. 이러한 정보는 LMO가 주변 환경 및 생물체에 간접적으로 영향을 주는지에 대한 평가를 위한 것이다.

질병관리본부의 위해성심사 항목과 기준을 종합하면 Figure 2와 같이 나타낼 수 있다.

질병관리본부의 인체위해성 평가는 LMO법률 통합고시 별표 10-1에[20] 지시된 위해성평가 자료 항목에 근거하고 있다. 그러나 범례는 다소 분산되어 있기 때문에 Table 1과 같이 해당 범례를 종합하여 이후의 연구에 적용하여 진행할 것이다.

질병관리본부의 위해성평가는 의정서가 개정되는 방향에 맞추어 구체화되며 재조정될 예정이며 본 연구는 의정서의 개정사항에 대한 검토를 기반으로 진행되었다.

2) 개정 의정서에 따른 인체위해성 평가 개선 지표 도출

개정 의정서의 위해성평가 체계는 6단계⁴⁾로 구성되어 있으며, 회원국의 평가체계가 반영되도록 제시되고 있다. 이러한 위해성 평가 자료를 바탕으로 수행되는 위해성심사는 공여체/숙주, 분자적 특성에 대한 안전성 증명, 과학적 실험 결과의 적합성 및 합리성을 판단하는 순서로 진행된다.

LMO의 인체위해성 평가는 독성, 알레르기성, 병원성 평가를 중심으로, 공여체/숙주, 분자적 특성의 변이 여부의 판단에 근거한다. 이 판단은 과학적 실험기법과 결과에 영향을 받을 수밖에 없으므로, 과학적 기술 발달에 따른 정보의 다양성이 반영될수록 LMO의 인체위해성 평가는 개선될 것이다. 그러므로 최신 기술(OMICS 기술 등)을 활용한 독성, 알레르기성, 병원성 평가 자료의 확보가 고려되어야 한다.

또한 모든 LMO의 인체위해성 심사는, 근본적으로 소관부처의 위해성평가 심사의 범위를 초과해서는 안된다. 소관부처의 위해성평가 방법 및 심사방향성을 고려하여, 인체위해성 평가 개선지표를 도출할 필요가 있다. Table 2는

개정된 의정서 위해성평가 범례에, 소관부처의 위해성 심사 방향성을 고려하여 도출한 결과이다[3, 4, 5, 6].

LMO의 환경에 대한 영향, 환경에 지속되거나 축적되는지에 대한 평가 등은 소관부처의 평가 심사요소이나, 모든 LMO 인체위해성 평가 심사에 반영될 필요성은 높지 않다. Table 2에 제시된 바와 같이, 현재 LMO와 숙주로 사용된 기존 종 사이의 표현형질 차이 및 특성 등은 아미노산의 조성 분석 결과만이 위해성 평가 자료에 반영되고 있다. 생명공학기술이 발전 할수록 더 많은 종류의 유전자 변형 및 특성이 개발되므로, 기존 실험적 검증방법의 한계는 두드러지게 나타날 것이다. 따라서 LMO 위해성 평가를 위한 분자 프로파일링 기술의 적용과 유용성에 대한 최신 연구 위해성 평가 논문 및 보고서의 비교를 통해 평가방식 체계를 개선해야 한다. 따라서 정보의 다양성을 반영하기 위해 유전체학(Genomics), 단백질학(Proteomic) 및 대사공학(Metabolics) 등 “OMICS” 분석 기법으로 분류되는 최신기술을 도입하게 할 필요가 있고[7, 10, 13, 14, 15, 16] 이러한 “OMICS” 분석 기법을 활용한 분자 프로파일이 적절히 설계되고 올바른 단계에서 적용될 경우 인체위해성 평가의 신뢰성을 높일 수 있을 것으로 보인다.

다만, 비생물학적 스트레스의 영향에 대한 LMO의 특성 및 비생물적/생물적 스트레스 상황 하에서 발생할 수 있는 LMO의 부작용에 관한 평가는 현재 반영되어 있지 않으므로 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

3) 타 부처의 인체위해성 평가 요소와의 비교를 통한 개선지표 도출

인체위해성 평가에 대하여 가장 긴밀한 부처는 식품의약품 안전처(Ministry food and drug safety, MFDS)이다. 유전자변형식품에 대한 인체위해성을 평가하는 식품의약품 안전처의 위해성 평가요소 및 의사결정단계는 모든 LMO의 인체위해성을 평가하는데 중요한 참고자료가 될 수 있다.

식품의약품안전처는 유전자변형식품에 대한 인체위해성

4) 위해성평가단계: ①인체 건강에 미치는 위해에 대한 고려는 물론이고, 존재 가능한 잠재적 수용환경에서 생물다양성에 부정적 영향을 미칠 수 있는 LMO의 신인자형 및 표현형 특성 식별 ②LMO에 노출된 존재 가능한 잠재적 수용환경의 종류와 수준을 고려하여 부정적 영향이 실제로 나타날 가능성 예측 ③부정적 영향이 실제로 나타날 경우 그 파급 효과를 예측 ④부정적 영향이 실제로 나타날 가능성과 그 파급 효과를 계속한 것을 근거로 하여 LMO가 미칠 총체적 위해성에 대한 추정 ⑤위해성이 수용할 수 있는 수준인지 아닌지, 관리 가능한 수준인지 아닌지, 그리고 필요한 경우, 이들 위해성을 관리하기 위한 전략이 무엇인지에 대한 권고 ⑥위해성 수준이 불확실하다고 판단한 경우에는 문제가 되는 주요 사항에 대한 추가정보를 요구하거나, 적절한 위해관리 전략을 수립하고, 수용환경 내에서 LMO를 감시할 것을 권의

Table 1. Items for human health–risk assessment of LMO in KCDC

Assessment item	Table 10–1 item attached notification[20]
Risk assessment for donor	8. Assessment for development of LMO 9. Assessment for donor and host
Risk assessment for host	8. Assessment for development for LMO 9. Assessment for donor and host
Risk assessment for molecular biological character	10. Assessment for genetic molecular biological character 12. Assessment for molecular biological character of LMO
Toxiological assessment of genetic materials	14. Assessment for toxiological assessment of LMO
Assessment for allergy of genetic materials	15. Assessment for allergen of LMO
Assessment for pathogenesis of LMO	13. Assessment for pathogenesis of LMO
Assessment of risk management	11. Assessment for development method of LMO 13. Assessment for pathogenesis of LMO 14. Assessment for toxiological assessment of LMO 15. Assessment for allergen of LMO

Table 2. A scheme of improvement for current risk assessment frameworks of LMO

Considering items for risk assessment	Applied	Suggested applications items
- Environmental effect of LMO - Overlap, complex, stack of induced gene	○	- Applied of environmental risk assessment for relevant authority - Not applied of human health–risk assessment on KCDC
Effect between induced gene and host gene in overlap/complex LMO	x	- Genomic - Metabolomics
Control of endogeneous gene production & transcription in LMO	x	- Genomic - Proteomic
In case stacked for genetically modified genes of similar function or same metabolic pathway, expression degree of genetically modified gene	○	- Southern blot - Western blot
Phenotype characteristics between LMO and conventional counterpart	△	Amino acid composition
- Interaction of stacked genetically modified gene or protein product - Considering of accumulation durability in environment of potential harmful material that produce on metabolic pathway associated genetically modified genes - Considering increase of biological toxin on non–target organism by accumulation and complex among insecticide protein more than two - Possibility of fast increase for resistance on target organism	–	- Applied of environmental risk assessment for relevant authority - Not applied of human health–risk assessment on KCDC
Original LMO event and stacked LMO on same species	–	
Considering accumulation possibility caused novel combination between genetically modified gene and other gene by intentional/unintentional fertilization among LMO, stacked LMO or conventional counterpart	–	- Applied of environmental risk assessment for relevant authority - Not applied of human health–risk assessment on KCDC
Emerging adverse effect for transferring on non–target organism	–	
Comparison and difference in stacked LMO	–	
Necessity of reliable method for stacked LMO detection, in context of risk management	–	
Effect of resistance/tolerance mechanism in LMO by endogeneous element's pleiotropic effect	△	- Genomic - Proteomic
Characteristics of LMO by non–biological stresses effect	x	
Adverse effect of LMO by biological/non–biological stresses situations	x	- Genomic - Proteomic - Metabolomics
Interaction effect for non–targeted organism and LMO by change of resistance on biological stress	x	
Change of materials to cause adverse reaction (ex. toxin, allergen or nutrients)	○	Homology of toxicity and Allergy

※ ○ : Applied, x : Not applied, △: Necessity of improvement and revision

평가로 섭취량 및 소화관내 잔류량, 장내세균으로의 이동 및 세균 내 발현 여부 그리고 항생제 치료효과 방해 등의 질병관리 본부의 인체위해성 평가와 다른 추가 반영 요소가 있다. 이러한 식품의약품안전처의 심사사항을 반영하여 Table 3과

같이 질병관리본부의 인체위해성 평가를 위한 일부 항목 개선 필요성을 도출하였다[17].

Table 3. Current Items required improvement for human health-risk assessment of LMO/GMO

Reason of Improvement	Items required improvement for risk assessment	Necessity of improvement for KCDC
Necessity for assessment procedure change of technique development	• Biological metergasis of host by genetical materials	○
	• Homology for 3D structure of current toxin	○
	• Possibility transferred pathogen element to LMO	○
Necessity of additional risk assessment provision linked relevant authority	• Possibility for human health-risk	○
	• Possibility for transfer of donor WT and LMO	○
	• Range of biological availability & nutrient of LMO	△
	• Biological metergasis of host by genetical materials (effect and mutation of enterobacteria)	△
	• Margin of intake and residue in alimentary canal	-
	• Possibility for transfer or expression in enterobacteria	-
	• Biological hazard and interruption for curative effect of existing antibiotics	-

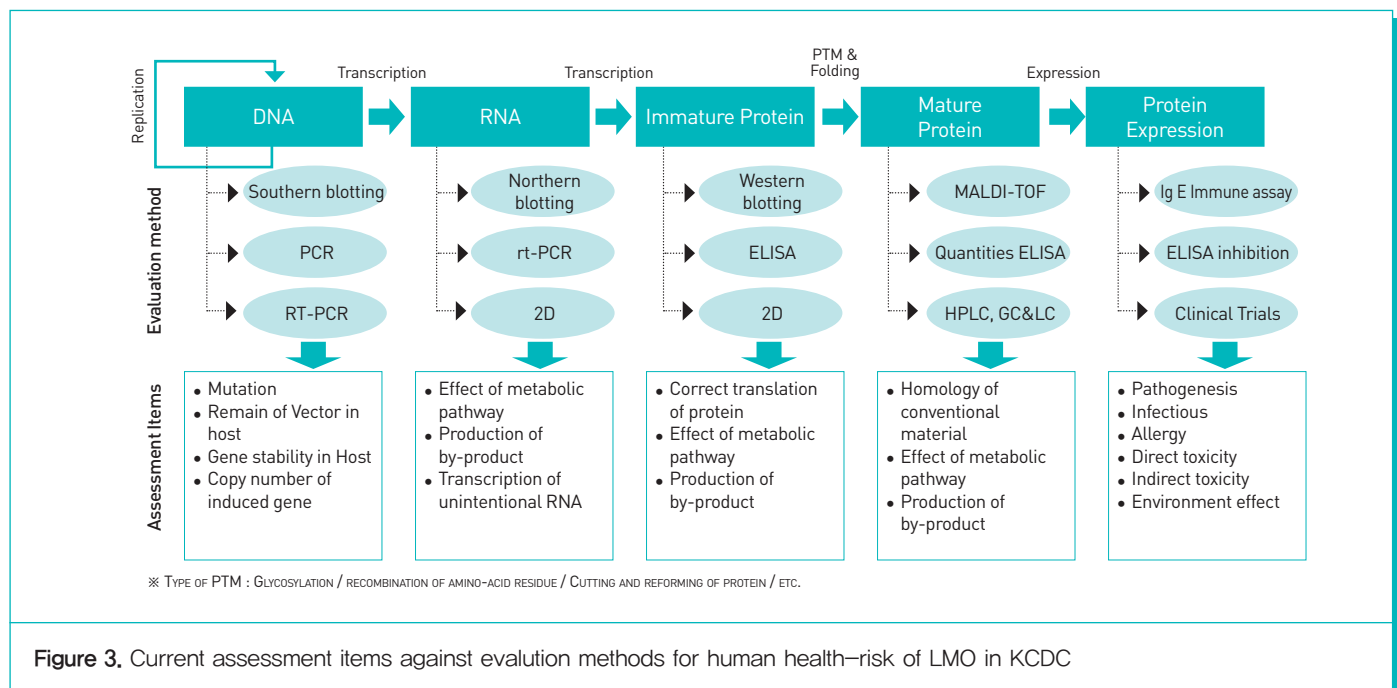


Figure 3. Current assessment items against evaluation methods for human health-risk of LMO in KCDC

III. 맺는 말

개정 의정서의 가장 큰 수정 내용은 “인체위해 가능성 여부”에 관한 인체위해성 평가방법에 대하여 각국의 합리적인 판단에 의거한 자율적 지침 마련에 있는 것으로 사료된다. LMO의 인체위해성 평가 방법을 개선하기 위해서는, 새롭고 다양한 최신분석기법을 어떻게 적절히 적용하는가에 해결책이 있다고 본다. Figure 3에 제시된 현행 인체위해성 판단을 위한 측정기법 대비 평가항목에 대한 관계도는 현재까지 경험적으로 축적된 인체위해성 평가자료 판단체계를 나타낸 결과물이다. 현행 측정기법 대비 평가체계는 보편적이고 보수적으로 접근한 결과물로 최신 기법을 적용한 위해성평가

분석 자료는 인체위해성평가의 신뢰도를 높이는데 도움을 줄 것으로 사료된다.

기존 측정기법 대비 평가내용의 도식으로 확보하는 보편적 평가기준[2, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15]에 새로이 도입되는 개정 바이오의정서 및 타 기관 인체위해성 평가 자료의 평가 기준을 반영한 개선안을 Table 4와 같이 제시하였다. 개선안은 “유전자 산물로 인한 숙주의 생물학적 기능변화 여부”를 단순히 표현형의 관찰과 개체내의 아미노산 조성비 차이만 평가하는 현행 방식에 최신 Omics 연구결과를 포함하도록 하여 LMO의 위해성을 종합적으로 심사 하도록하는 방향성을 제시하고 있다.

또한 “기존 독소 및 알레르겐과의 구조 상동성”을 아미노산 서열 상동성을 바탕으로 분석한 결과와 마우스 실험을 통한

Table 4. A improvement draft of provision for human health—risk of LMO in KCDC

Section Items	Before improvement	After improvement
Risk assessment for donor	• Classification character/Utilize history • Toxicity, allergen, pathogenesis	• Classification character/Utilize history • Toxicity, allergen, pathogenesis
Risk assessment for host	• Classification character/Utilize history • Toxicity, allergen, pathogenesis	• Classification character/Utilize history • Toxicity, allergen, pathogenesis
Risk assessment for molecular biological character	• molecular and biological character	• Molecular biological character • Possibility for biological metergasis change of host by genetic material • Toxicity, allergen, pathogenesis
Toxioligical assessment of genetic materials	• toxicity, allergen, pathogenesis • Structural homology of current toxin (amino-acid sequence)	• Structural homology of current toxin (Analysis for anmio-acid sequence & 3D structure homology) • Toxicity of physical-chemical disassemble product of genetic materail • Toxicity by single/repeat medication
Assessment for allergy of genetic materials	• Toxicity by single/repeat medication • Structural homology of current allergen(amino-acid sequence)	• Structural homology of current allergen(Analysis for anmio-acid sequence & 3D structure homology) • Allergenicity of physical-chemical disassemble product of genetic materail • Response of IgE antibody on homologous allergen patient
Assessment for pathogenesis of LMO	• Response of IgE antibody on homologous allergen patient • Possibility of pathogenesis(amino-acid composition etc.) • Possibility transferred pathogen element to LMO	• Possibility of pathogenesis(amino-acid composition etc.) • Possibility transferred pathogen element to LMO • Analysis of Human health-risk (Omics Analysis) • Risk test by induced pathogenesis
Assessment of risk management	• Risk test by induced pathogenesis • Possibility of human health-risk • Prophylaxis, treatment, medical monitoring method • Physical containment method	• Possibility of human health-risk • Prophylaxis, treatment, medical monitoring method • Physical containment method

독성 및 알레르기성 반응을 별도로 평가하는 현행 방식에, 단백질 등의 구조적 유사성 분석을 통한 3차원 구조의 독소 및 알레르겐으로서의 기능을 확인하는 항목이 추가될 필요가 있음을 제시하였다. “공여체와 관련한 위해성평가” 및 “병원성 유발인자가 LMO로 전이 여부”의 평가는 병원성 유발인자의 전이 및 변이로 인한 개체의 병원성 유발 인자의 발현 증가나 새로운 유발인자의 발현 등의 분석이 추가되어야 할 것으로 분석되었다.

개선된 평가요소는 최신 Omics 연구결과가 위해성평가의 깊이를 넓히는 기술로서 적용되어야 함을 나타낸다. 이러한 새로운 기법들이 적절히 적용되기 위해서는 모든 분석방법들의 검증과 더불어 적절한 수학적 기법을 이용한 분석이 수행될 것을 필요로 한다. 따라서 최신 Omics 연구결과의 체계적인 검증을 위한 규정된 조건 및 통계처리방법 등의 확립이 선결되어야 할 것으로 사료된다.

이러한 개선된 위해성 심사항목은 LMO 심사를 위한

의사결정단계의 변화를 자연스럽게 유도한다. 질병관리본부의 의사결정단계의 개선은 보건의료용 LMO라는 고유의 특성을 바탕으로 하되, 타 부처 심사기관의 심사요소와 비교를 통한 추가 및 신규 기술발달에 따른 분석결과를 반영하여 개발사의 위해성평가 신청시 합리적이며 체계적인 자료를 제출할 수 있도록 검토할 필요성이 발생한다. 따라서 Table 4에서 제시한 추가적 인체위해성 심사항목 판단을 위한 의사결정단계를 요약하여 Figure 4 및 Figure 5의 독성 평가 및 병원성 평가 항목의 심사흐름으로 정리하였다[17].

본 연구는 질병관리본부의 인체위해성 평가를 위한 위해요소별 평가지표 적합성을 검토하고, 국제기준과 새로운 평가기술의 도입 등을 고려한 LMO 인체위해성 심사항목 및 의사결정단계 개선안을 제안하였다. 개선안은 OMICS 기술 등을 활용한 독성, 알레르기성, 병원성 평가 자료의 확보사항이 고려된 결과물로 LMO 인체위해성 평가 자료의 신뢰성을 증대시키고 이해관계자와의 상충되는 이견을 해소하는데 도움이

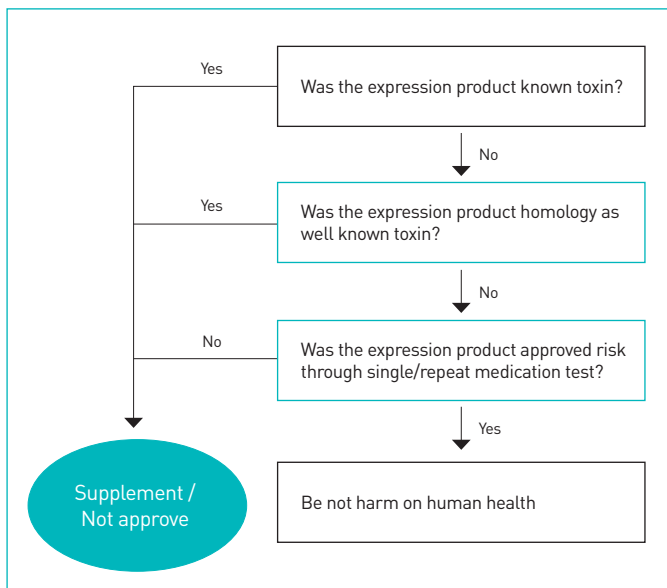


Figure 4. A draft improvement of decision tree against toxicity assessment for LMO genetic material in KCDC

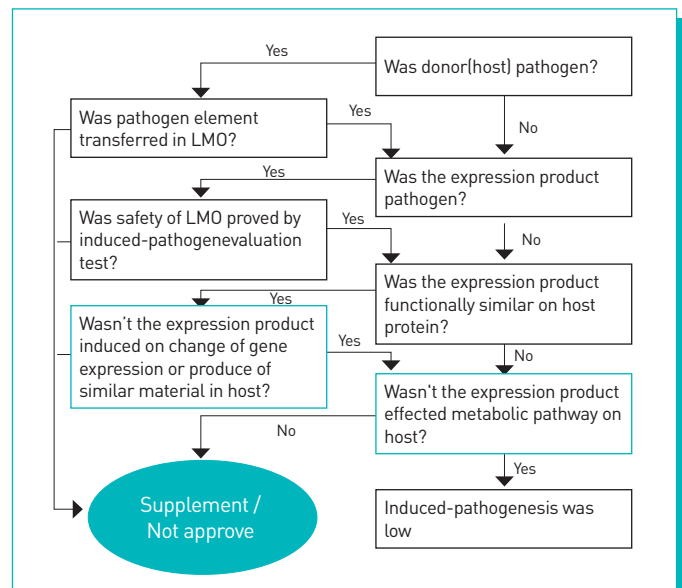


Figure 5. A draft improvement of decision tree against pathogenesis assessment for LMO in KCDC

될 것으로 기대하고 있다. 다만 최신기술의 적용을 위해서는 기술의 적절한 검증 및 신뢰성을 높일 수 있는 규정된 적용조건 개발과 통계처리 등 수학적 기법의 적절성 판단을 위한 추가적 연구가 필요할 것으로 사료되므로, 향후 이에 대한 추가적인 연구를 지속적으로 수행할 계획이다.

이 글은 2013년 국립안동대학교가 수행한 질병관리본부의 “LMO 인체위해성 평가 심사체계 및 decision tree 개선 연구” 학술연구용역과제 결과보고서의 일부를 요약 후 세부사항을 추가 및 개선하여 정리한 것입니다.

IV. 참고문헌

1. Cartagena Protocol on Biosafety to the Convention on Biological Diversity (Montreal, 2000; Hyderabad, India 2012 Oct 1, revised.)
2. Clair E., Mesnage R., Gressa S., Defarge N., Malatesta M., Hennequin D., Spiroux de Vendmoise, Sralinia GE. 2012. Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize, Food and Chemical Toxicology, 50(11):4221-4231.
3. Colquhoun IJ, Le Gall G, Elliot KA, Mellon FA, Michael AJ. 2006. Shall I compare thee to a GM potato? Trends in Genetics, 22:525-8.
4. Consideration of Draft Guideline for the Conduct of Food Safety Assessment of Foods Produced using Recombinant DNA Microorganisms CODEX AD HOC INTERGOVERNMENTAL TASK FORCE ON FOODS DERIVED FROM BIOTECHNOLOGY. 2003.
5. Guidance on Risk of Living Modified Organisms, Conferences of the Parties to Convention on Biological Diversity serving as the Meeting of the Parties to the Cartagena Protocol on Biosafety. 2012, UNEP/CBD/BS/COP-MOP /6/13/Add.1.
6. Guidance Document on the Use of Taxonomy in Risk Assessment of the Microorganism: Bacteria: ENV/JM/MONO. 2003. 13 Organisation for Economic Co-operation and Development.
7. Heinemann JA., Kurenbach B. Quist D. 2011. Molecular profiling —a tool for addressing emerging gaps in the comparative risk assessment of GMOs Environment International 37: 1285-1293.
8. Panchin AY. 2013. Toxicity of roundup-tolerant genetically modified maize is not supported by statistical tests, Food and Chemical Toxicology, 53, 475-482.
9. Riemer C, Neidhold S, Burwinkel M, Schwarz A, Schultz J, Kratzschmar J, et al. 2004. Gene expression profiling of scrapie-infected brain tissue. Biochemical and Biophysical Research Communications, 323:556-64.
10. Rischer H, Oksman-Caldentey K-M. 2006. Unintended effects in genetically modified crops: revealed by metabolomics? Trends in Biotechnology, 24:102-4.
11. Ruebelt MC, Lipp M, Reynolds TL, Astwood JD, Engel KH, Jany KD. 2006b. Application of two dimensional gel electrophoresis to interrogate alterations in the proteome of

- genetically modified crops. 2. Assessing natural variability. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 54:2162-8.
12. Ruebelt MC, Lipp M, Reynolds TL, Schmuke JJ, Astwood JD, DellaPenna D, et al. 2006c. Application of two-dimensional gel electrophoresis to interrogate alterations in the proteome of genetically modified crops. 3. Assessing unintended effects. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 54:2169-77.
13. Schauer N, Fernie AR. 2006. Plant metabolomics: towards biological function and mechanism. Trends in Plant Science, 11:508-16.
14. Thelen JJ, Peck SC. 2007. Quantitative proteomics in plants: choices in abundance. Plant Cell 19:3339-46.
15. Wilhelm BT, Marguerat S, Watt S, Schubert F, Wood V, Goodhead I, et al. 2008. Dynamic repertoire of a eukaryotic transcriptome surveyed at single-nucleotide resolution. Nature 453: 1239-43.
16. Wishart DS. 2008. Metabolomics: applications to food science and nutrition research. Trends in Food Science & Technology, 19:482-93.
17. 질병관리본부. 2013. LMO 인체위해성 평가 심사체계 및 decision tree 개선 연구.
18. 한국바이오안전성정보센터. 2009. LMO의 잠재적 위해성에 대한 평가, BIOSAFETY, 10(4).
19. 한국바이오안전성정보센터. 2013. 바이오안전성백서
20. 생물안전평가과. 2008. 유전자변형생물체 인체위해성 평가 심사 가이드. 질병관리본부. pp 50-51.

제 4회 결핵예방의 날

The 4rd TB prevention day

질병관리본부 에이즈·결핵관리과
이윤재, 김용석, 황세희

매년 3월 24일은 「세계 결핵의 날」이자 「결핵예방의 날」이다. 「세계 결핵의 날」은 국제항결핵 및 폐질환연맹(International union against tuberculosis and lung disease, IUATLD)의 제안에 세계보건기구(World health organization, WHO)가 참여하면서, 3월 24일을 World TB Day로 지정하였고, 올해로 32회째를 맞이하고 있다. 우리나라는 2011년부터 결핵예방법(제4조)¹⁾에 따라 매년 3월24일을 「결핵예방의 날」로 지정하여 국민들에게 결핵의 심각성을 알리고 예방의 중요성을 강조하는

등 결핵에 대한 국민인식 개선과 사회적 분위기 조성에 힘쓰고 있다. 「결핵예방의 날」은 결핵예방법에 의거해 정부 주도로 기념행사가 개최되고 있으며, 지난해부터는 「결핵예방의 날」 전·후로 「결핵예방주간(7일간)」을 운영하여 범지역 차원의 결핵예방 활동을 적극적으로 추진하고 있다.

지난해에는 결핵예방주간 동안 “7일간의 결핵예방 대장정”이라는 주제로 서울 광화문 광장을 비롯해 전국 각 지역에서 다양한 행사와 캠페인이 진행되었다. 이러한 전국 단위의 예방활동을 통해 결핵예방에 대한 범국가적 관심을 결집하기 위한 노력은 올해도 지속 추진된다. 올해는 「제4회 결핵예방의 날」 기념행사를 시작으로 3월 30일까지 “7일간의 결핵예방주간”으로 정하여 운영할 예정이다. 한편 WHO는 2014년 World TB Day 슬로건(Figure 1)으로 “REACH THE 3 MILLION - FIND·TREAT·CURE TB”로 정했고, 우리나라는 우리 실정에 맞게 결핵퇴치에 대한 결연한 의지 및 국민적 행동실천 메시지를 담아 “철저한 발견·치료·관리로 결핵퇴치! 결핵예방365”라는 슬로건을 정하였고, 이를 전국 지역사회에 알려 일관된 메시지로 다양한 홍보활동이 펼쳐지게 된다.

올해 「제4회 결핵예방의 날」 기념행사에는 보건복지부장관, 질병관리본부장 등을 비롯한 결핵과 관련된 각계각층 인사와 정부 유공자 등 200여명이 참석할 예정이다. 이날 행사에는 국가결핵관리사업의 성공적 수행을 위해 헌신한 유공자에 대한 표창이 수여될 예정이며, 대학생으로 구성된 결핵 ZERO SNS 홍보단(4기)가 위촉장을 받게 된다. 특히 이번 행사에서는 「결핵퇴치를 위한 다짐식」을 마련하여 결핵퇴치에 대한 정부의 의지가 표명될 예정이다.

정부의 다양한 대책마련과 노력에도 불구하고 여전히 결핵은 우리의 건강과 생명을 끊임없이 위협하고 있다. WHO 발표에 따르면 여전히 860만 명의 결핵 신환자가 발생하고(Figure 2), 130만 명이 결핵으로 사망하고 있다고 보고되었다. 2012년에는 치료와 관리가 어려운 다제내성 결핵이 전 세계적으로 45만 명이나 발병하였고, 그 중 17만 명이 사망하였다[1].

결핵은 우리나라 법정 감염병 75종 중 발생과 사망이 가장

1) 결핵예방의 날: ① 결핵예방 및 관리의 중요성을 널리 알리고 결핵에 대한 경각심을 고취하기 위하여 매년 3월 24일을 결핵예방의 날로 한다. ② 국가와 지방자치단체는 결핵예방의 날 취지에 부합하는 행사와 교육·홍보사업을 실시할 수 있다.



Figure 1. Poster for the '4rd TB Prevention Day' and Slogan for the '2014 World TB Day'

Global trends in estimated rates of TB incidence, prevalence and mortality. Left: Global trends in estimated incidence rate including HIV-positive TB (green) and estimated incidence rate of HIV-positive TB (red). Centre and right: Trends in estimated TB prevalence and mortality rates 1990–2012 and forecast TB prevalence and mortality rates 2013–2015. The horizontal dashed lines represent the Stop TB Partnership targets of a 50% reduction in prevalence and mortality rates by 2015 compared with 1990. Shaded areas represent uncertainty bands. Mortality excludes TB deaths among HIV-positive people.

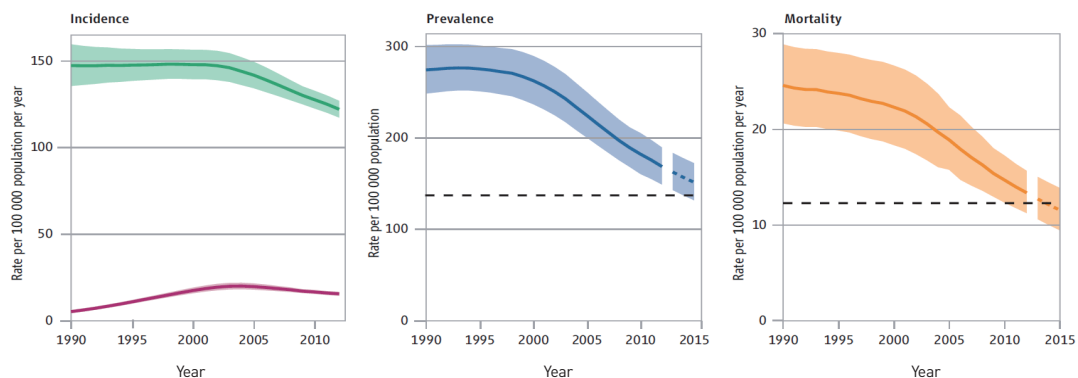


Figure 2. Global trends in estimated rates of TB incidence, prevalence and mortality

많은 감염병이며, 우리나라는 OECD (Organisation for economic co-operation and development) 가입국 중 결핵 발생률과 사망률이 가장 높다. 매년 약 4만 명의 신환자가 발생하고 결핵으로 2,300여명이 사망한다. 2012년에 신고된 결핵 신환자는 39,545명으로 전년대비 비슷한 수준이었으며, 폐결핵 환자는 전년대비 2.6% 증가하였고, 폐외결핵 환자는 12.2% 감소하였다. 폐결핵 환자 31,075명(10만 명당 61.7명) 중 타인에게 전염성이 있는 도말양성 환자는 12,137명(10만 명당 24.1명)으로 2.9%가 증가하였다(Table 1).

이러한 심각한 결핵문제 해결을 위해, 정부는 2020년까지 결핵 발생률을 선진국 수준으로 낮추기 위해 결핵예방법(제5조)에 따라 「제1기 결핵관리종합계획(2013–2017)」을 마련하여 결핵퇴치 대책을 마련하고 강력하게 추진하고 있다.

「제1기 결핵관리종합계획」은 “결핵 없는 사회, 건강한 국가”를 비전으로 2020년까지 결핵발생률을 현재 수준의 1/2감소(결핵발생률 2011년 (100명) → (2020년) 50명/인구 10만 명당)를 목표로 하고 있다.

2014년–2015년에는 접촉자 조사 및 잠복결핵감염 치료 확대 및 결핵환자를 개별 전수관리 중점과제로 추진할 계획이다. 아울러 중·고등학생 등 청소년을 중심으로 결핵에 대한 심각성을 알리고, 결핵을 예방하는 방법(기침예절 등)을 대대적으로 홍보하여 결핵예방과 전파방지에 주력할 계획이다. 정부는 올해 청소년 결핵관리 강화를 위해 전국 중·고등학생 대상 역학조사를 확대·강화하고, 새학기 결핵예방 정보를 집중 안내하고(2–4월)있으며, 결핵환자 맞춤형 치료지원을 강화하기 위해 지방자치단체 결핵관리인력

Table 1. New TB case notifications by type of TB, 2008–2012

(Rates per 100,000 population)

구분	2008	2009	2010	2011	2012
Total	34,157 [69.1]	35,845 [72.2]	36,305 [72.8]	39,557 [78.9]	39,545 [78.5]
Pulmonary TB	28,344	28,922	28,176	30,100	31,075
(Smear-positive)	11,048	11,285	10,776	11,714	12,137
(Smear-negative)	17,296	17,637	17,400	18,386	18,938
Other TB	5,813	6,923	8,129	9,457	8,470



Figure 3. Posters for the 'Coughing Etiquette'[2]

190명을 보강하고, 국공립병원 및 지방의료원 등에 입원 및 격리치료를 위한 시설을 확충할 계획도 갖고 있다. 또한 스스로 치료 지속이 어려운 결핵환자에 대한 지원을 위해 결핵안심벨트(국립중앙의료원, 국립마산병원, 국립목포병원, 서울특별시립병원)와 협력하여 치료비 지원, 협진, 전원 연계 등을 주요 내용으로 하는 신규 사업을 올해부터 추진하기로 하였다.

아울러 정부는 국민들에게 결핵을 예방하기 위한 실천적 행동요령을 다양한 매체를 통해 알리고 있다. “2주 이상 기침하면 결핵검사”, “기침할 때는 손수건이나 휴지 또는 옷소매로 입을 가리고 하기” 등 국민이 쉽게 실천할 수 있는 메시지로 집중 홍보하고 있다. 기침예절 캠페인을 통해 국민들의 ‘기침예절 실천행동 의지율’을 60%(2013년 57%)²⁾까지 향상 시킬 계획이다. 기침예절의 중요성은 선진국의 캠페인 활동에서도 많이 찾을 수 있다. 손수건, 스카프, 옷소매 위쪽 등으로 입과 코를 가리고 기침하는 것을 널리 알리고 있으며, 오래전부터 포스터 등을 제작하여 환자와 병원

방문객 등에게 기침예절 실천을 권고하고 있다(Figure 3)[2].

우리나라의 기초 건강지표인 결핵발생률을 획기적으로 감소시키기 위해서는 정부의 강력한 정책추진과 함께 사회적 동참이 무엇보다 중요하다. 국민 스스로 결핵의 심각성을 인식하고, 평소 건강관리를 철저히 해야 하며, 2주 이상 기침이 지속되면 결핵을 의심하고 결핵검사를 반드시 받는 것이 중요하다.

〈 참고문헌 〉

1. World Health Organization, 2013, Global Tuberculosis Report.
2. World Health Organization, IMPLEMENTING the WHO Policy on TB Infection Control in Health-Care Facilities, Congregate Settings and Households.
3. 질병관리본부, 2012, Annual Report on the Notified Tuberculosis in Korea.

2) 2013 결핵 예방을 위한 인식·태도·행동 및 미디어 캠페인 효과 조사

Current status of selected infectious diseases

1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th week)

- 2014년도 제11주 인플루엔자의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 28.9명으로 지난주(29.2)보다 감소하였으나 유행판단기준(12.1/1,000명)보다 높은 수준임.

※ 2014.1.2일자 인플루엔자 유행주의보 발령

※ 인플루엔자 표본감시체계가 변경됨에 따라 2013-2014절기 유행기준은 12.1명/(1,000)으로 변경

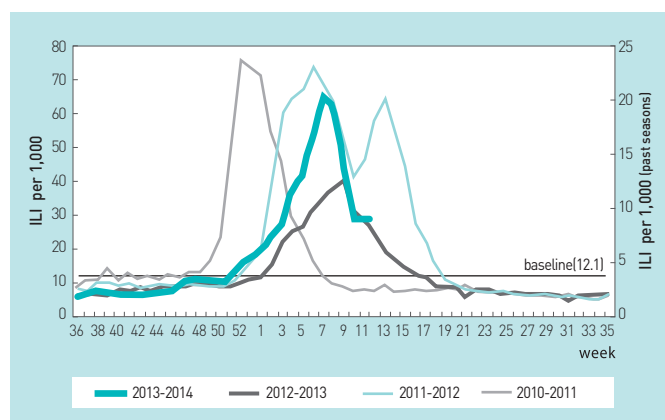


Figure 1. The weekly proportion of Influenza-Like Illness per 1,000 outpatients, 2010-2011 to 2013-2014 seasons

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, Weeks ending March 15, 2014 (11th week)

- 2014년도 제11주 총 245건의 호흡기검체에 대한 유전자 검사결과 총 175건(71.4%)의 호흡기바이러스가 검출되었음.

※주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2014 (week)	No. of tested cases	Weekly total	No. of detected cases(detection rate, %)							
			ADV	PIV	RSV	IFV	hCoV	hRV	hBoV	hMPV
8	286	237(82.9)	10(3.5)	0(0.0)	3(1.0)	205(71.7)	12(4.2)	3(1.0)	1(0.3)	3(1.0)
9	242	189(78.1)	6(2.5)	3(1.2)	2(0.8)	158(65.3)	8(3.3)	9(3.7)	0(0.0)	3(1.2)
10	239	168(70.3)	14(5.9)	6(2.5)	3(1.3)	129(54.0)	7(2.9)	8(3.3)	1(0.4)	0(0.0)
11	245	175(71.4)	11(4.5)	10(4.1)	1(0.4)	134(54.7)	5(2.0)	9(3.7)	1(0.4)	4(1.6)
Cum.	2,816	2,067(73.4)	129(4.6)	53(1.9)	49(1.7)	1,576(56.0)	119(4.2)	124(4.4)	6(0.2)	11(0.4)

Abbreviation: ADV= Adeno Virus, PIV= Parainfluenza Virus, RSV= Respiratory Syncytial Virus, IFV= Influenza Virus, hCoV= human Corona Virus, hRV= human Rhino Virus, hBoV= human Boca Virus, hMPV= human Metapneumo Virus

* Cum.= the total No. of tested cases between Dec. 29, 2013 – Mar. 15, 2014.

Current status of hospital based Pneumonia or Influenza (P&I) mortality

1. Pneumonia or Influenza (P&I) mortality, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th week)

- 2014년도 제11주 병원기반형 호흡기감염병 감시체계 참여병원 전체 사망자 중 폐렴 또는 인플루엔자(사망진단서 기준) 사망 분율은 8.9%임.

week	3	4	5	6	7	8	9	10	11
P&I [†] mortality	6.5	4.6	6.3	5.9	9.5	8.2	5.8	7.7	8.9

* Reported mortality data is based on the result of 30 hospitals.

A causes of death are defined from death certificates. Fetal deaths are not included.

† J09-J18 is KCD code with pneumonia or influenza.

Table 1. Provisional cases of reported notifiable diseases—Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th Week)*

Unit: reported case[†]

Disease [‡]	Current week	Cum. 2014	5-year weekly average [¶]	Total cases reported for previous years					Imported cases of current week : Country (reported case)
				2013	2012	2011	2010	2009	
Cholera	—	—	—	3	—	3	8	—	
Typhoid fever	3	37	3	156	129	148	133	168	
Paratyphoid fever	2	8	1	54	58	56	55	36	Cambodia(1), Russia(1)
Shigellosis	1	38	2	294	90	171	228	180	
EHEC	—	6	—	61	58	71	56	62	
Viral hepatitis A [§]	17	196	77	876	1,197	5,521	—	—	
Pertussis	—	9	1	44	230	97	27	66	
Tetanus	1	6	—	23	17	19	14	17	
Measles	14	61	—	118	3	42	114	17	
Mumps	210	3,164	83	17,191	7,492	6,137	6,094	6,399	
Rubella	1	9	1	38	28	53	43	36	
Viral hepatitis B ^{§**}	69	1,132	39	3,939	2,767	1,428	—	—	
Japanese encephalitis	—	—	—	14	20	3	26	6	
Varicella	325	8,710	408	37,595	27,763	36,249	24,400	25,197	
Malaria	1	17	2	450	555	838	1,772	1,345	Yemen(1)
Scarlet fever ^{††}	101	1,419	15	3,734	968	406	106	127	
Meningococcal meningitis	—	1	—	6	4	7	12	3	
Legionellosis	—	2	—	21	25	28	30	24	
<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis	—	—	—	56	65	51	73	24	
Murine typhus	—	2	—	21	41	23	54	29	
Scrub typhus	3	71	2	10,435	8,604	5,151	5,671	4,995	Republic of South Africa(1)
Leptospirosis	—	2	—	50	28	49	66	62	
Brucellosis	—	2	—	19	17	19	31	24	
Rabies	—	—	—	—	—	—	—	—	
HFRS	4	51	3	563	364	370	473	334	
Syphilis [§]	19	171	15	808	787	965	—	—	
CJD/vCJD [§]	3	19	—	66	45	29	—	—	
Dengue fever	2	31	1	256	149	72	125	59	Indonesia(1), Philippines(1)
Q fever	—	6	—	15	10	8	13	14	
West Nile fever	—	—	—	—	1	—	—	—	
Lyme Borreliosis	—	1	—	14	3	2	—	—	
Melioidosis	—	—	—	2	—	1	—	—	
Chikungunya fever	—	—	—	2	0	0	—	—	
SFTS	—	2	—	36	—	—	—	—	
Tuberculosis	904	7,668	725	37,270	39,545	39,557	36,305	35,845	
HIV/AIDS [‡]	19	173	16	965*	868	888	773	768	

—: No reported cases, Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

EHEC: Enterohemorrhagic *Escherichia coli*, HFRS: Hemorrhagic fever with renal syndrome.

CJD/vCJD: Creutzfeldt–Jacob Disease / variant Creutzfeldt–Jacob Disease.

SFTS: Severe fever with thrombocytopenia syndrome.

* Incidence data for reporting year 2013, 2014 is provisional, whereas data for 2008, 2009, 2010, 2011 and 2012 are finalized.

† Reported cases contain all case classifications(Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease respectively.

‡ Excluding Hansen's disease, diseases reported through the Sentinel Surveillance System(Data for Sentinel Surveillance System are available in Table III), and diseases no case reported(Diphtheria, Poliomyelitis, Epidemic typhus, Anthrax, Plague, Yellow fever, Viral hemorrhagic fever, Smallpox, Botulism, Severe Acute Respiratory Syndrome, Avian influenza infection and humans, Novel Influenza, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome, Tick-borne Encephalitis)

§ Surveillance system for Viral hepatitis A, Viral hepatitis B, Syphilis, CJD/vCJD, West Nile fever was altered from Sentinel Surveillance System to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010.

¶ Calculated by summing the incidence counts for the current week, the 2 weeks preceding the current week, and the 2 weeks following the current week, for a total of 5 preceding years(For Viral hepatitis A, Viral hepatitis B, Syphilis, CJD/vCJD, West Nile fever, Lyme Borreliosis, Melioidosis, this calculation used 3 year data(2011, 2012, 2013) only, because of being designated as of December 30, 2010).

** Viral hepatitis B comprises acute Viral hepatitis B, HBsAg positive maternity, Perinatal hepatitis B virus infection.

†† Scarlet fever's case classifications contain confirmed cases to confirmed and suspected cases since September 27, 2012.

Table 2. (continued) Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th Week)*

Unit: reported case†

Reporting area	Cholera			Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic Escherichia coli			Viral hepatitis A‡			Pertussis			Tetanus		
	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013	Current week	Cum. 5-year average§	Cum. 2013
Total	-	-	-	3	37	31	2	8	10	1	38	33	-	6	2	17	196	500	-	9	10	1	6	-
Seoul	-	-	-	-	2	9	-	1	3	-	2	6	-	1	-	2	39	86	-	2	1	-	-	-
Busan	-	-	-	-	-	2	1	1	-	-	3	4	-	-	-	-	5	36	-	-	-	-	2	-
Daegu	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	-	-	1	-	1	5	2	-	-	-	1	1	-
Incheon	-	-	-	-	3	1	1	2	1	-	21	3	-	-	-	3	22	62	-	-	2	-	-	-
Gwangju	-	-	-	-	3	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	1	7	17	-	1	1	-	-	-
Daejeon	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	18	-	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	3	5	-	-	-	-	-	-
Sejong	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	-	2	6	6	-	2	2	-	3	8	-	3	1	8	55	155	-	1	2	-	1	-
Gangwon	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	9	16	-	1	1	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	-	-	1	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	11	24	-	-	-	-	-	-
Chungnam	-	-	-	-	4	1	-	-	1	-	-	3	-	-	-	1	9	23	-	1	1	-	-	-
Jeonbuk	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	2	1	-	-	-	1	10	27	-	-	-	-	-	-
Jeonnam	-	-	-	-	2	1	-	-	-	-	1	2	-	-	-	-	7	11	-	-	-	1	-	-
Gyeongbuk	-	-	-	-	2	2	-	1	1	-	-	1	-	-	-	-	9	8	-	1	-	-	2	-
Gyeongnam	-	-	-	-	8	5	-	-	-	1	3	2	-	-	-	-	2	9	-	1	1	-	-	-
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	1	-	1	1	1	-	1	-	-	-	-

-: No reported cases. Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

* Incidence data for reporting years 2013, 2014 is provisional, whereas data for 2008, 2009, 2010, 2011 and 2012 are finalized.

† Reported cases contain all case classifications (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease, respectively.

‡ Surveillance system for Viral hepatitis A was altered from Sentinel Surveillance System to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010.

§ Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years.

Table 2. (continued) Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th Week)*

Reporting area	Measles			Mumps			Rubella			Viral hepatitis B†			Japanese encephalitis			Varicella			Malaria			Scarlet fever‡		
	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 4-year average	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§
Total	14	61	1 210 3,164	842	1 9	4 69 1,132	410	-	-	-	-	-	-	-	-	325	8,710	5,776	1 17	12 101	1,419	170		
Seoul	1	7	- 28 463	117	-	- 5 126	37	-	-	-	-	-	-	-	-	19	725	589	- 6	2 4	138	20		
Busan	-	-	- 22 314	38	-	1 5 82	67	-	-	-	-	-	-	-	-	30	727	594	- 3	- 10	146	8		
Daegu	-	-	- 4 110	34	-	- 8 58	14	-	-	-	-	-	-	-	-	23	699	446	-	- 6	78	7		
Incheon	-	3	- 8 147	144	-	- 5 87	37	-	-	-	-	-	-	-	-	17	568	457	1 1	3 6	52	15		
Gwangju	-	-	- 36 232	18	-	- 7 65	24	-	-	-	-	-	-	-	-	8	171	163	-	- 3	29	10		
Daejeon	2	18	- 8 151	88	-	- 15	1	-	-	-	-	-	-	-	-	15	232	128	-	- 3	30	2		
Ulsan	-	1	- 4 45	42	-	- 4 37	15	-	-	-	-	-	-	-	-	4	224	236	- 2	- 3	32	5		
Sejong	2	2	- 12	7	-	- 1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13	6	-	-	-	1		
Gyeonggi	6	24	1 36 615	170	-	5 1 21 300	71	-	-	-	-	-	-	-	-	129	2,498	1,317	- 2	5 20	384	51		
Gangwon	-	-	- 6 168	21	-	- 2 39	28	-	-	-	-	-	-	-	-	11	260	499	-	1 2	33	2		
Chungbuk	1	1	- 4 54	27	-	- 1 34	16	-	-	-	-	-	-	-	-	4	212	164	- 1	1 2	19	5		
Chungnam	1	2	- 11 119	16	-	1 46	6	-	-	-	-	-	-	-	-	12	506	173	- 1	- 4	57	7		
Jeonbuk	-	-	- 14 265	15	-	- 46	16	-	-	-	-	-	-	-	-	12	467	113	- 1	- 5	85	11		
Jeonnam	1	1	- 179	13	-	- 76	16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	364	163	-	7 47	-	-		
Gyeongbuk	-	-	- 10 61	22	1 2	1 3 26	32	-	-	-	-	-	-	-	-	11	404	189	-	- 9	128	15		
Gyeongnam	-	-	- 18 145	31	-	- 7 90	26	-	-	-	-	-	-	-	-	21	488	324	-	- 16	135	9		
Jeju	-	2	- 1 84	39	-	- 3	3	-	-	-	-	-	-	-	-	9	152	215	-	1 26	-	2		

Unit: reported case

-: No reported cases. Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

* Incidence data for reporting years 2013, 2014 is provisional, whereas data for 2008, 2009, 2010, 2011 and 2012 are finalized.

† Reported cases included all classification (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the diseases, respectively.

‡ Surveillance system for Viral hepatitis B was altered from Sentinel Surveillance System to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010.

§ The cumulative counts are calculated by averaging from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years.

¶ Scarlet fever's case classifications contain confirmed cases to confirmed and suspected cases since September 27, 2012.

Table 2. (continued) Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th Week)*

Unit: reported case†

Reporting area	Meningococcal meningitis		Legionellosis		Vibrio vulnificus sepsis		Murine typhus		Scrub typhus		Leptospirosis		Brucellosis		Rabies	
	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§
Total	-	1	-	2	4	-	-	2	3	71	66	-	2	2	-	-
Seoul	-	1	-	-	2	-	-	1	1	3	5	-	-	-	-	-
Busan	-	-	-	1	-	-	-	-	1	4	5	-	-	-	-	-
Daegu	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	1	-	-
Incheon	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	4	-	-	-	-	-
Gwangju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Daejeon	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	1	-	-	-	-	-
Sejong	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	-	-	1	-	-	-	1	11	11	-	1	-	1	-
Gangwon	-	-	-	1	1	-	-	1	-	4	1	-	-	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-
Chungnam	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	4	-	-	-	-	-
Jeonbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7	9	-	-	-	1	-
Jeonnam	-	-	-	-	-	-	-	-	-	12	8	-	-	-	-	-
Gyeongbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	4	-	-	-	-	-
Gyeongnam	-	-	-	-	-	-	-	-	1	9	7	-	-	-	-	-
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	2	-	-	1	-	-

-: No reported cases. Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

* Incidence data for reporting years 2013, 2014 is provisional, whereas data for 2008, 2009, 2010, 2011 and 2012 are finalized.

† Reported cases contain all case classifications (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease, respectively.

§ Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years

Table 2. (continued) Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending March 15, 2014 (11th Week)*

Unit: reported case†

Reporting area	Hemorrhagic fever with renal syndrome			Syphilis‡			CJD/vCJD‡			Dengue fever			Q fever			Lyme Borreliosis			Meliodosis			Tuberculosis		
	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2013	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2013	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2013	Cum. 3-year average	Current week	Cum. 2014	Cum. 5-year average§
Total	4	51	41	19	171	123	3	19	6	2	31	17	-	6	2	-	1	-	-	-	-	904	7,668	7,076
Seoul	-	2	3	4	30	17	-	1	2	-	5	6	-	-	-	-	1	-	-	-	-	181	1,519	1,497
Busan	-	-	1	-	17	8	-	-	-	-	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	64	587	592
Daegu	-	-	-	2	6	4	-	1	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	54	399	383
Incheon	-	2	2	-	13	11	1	2	-	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	57	444	364
Gwangju	-	-	-	-	1	5	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	26	171	172
Daejeon	-	2	1	1	6	2	-	1	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18	202	167
Ulsan	-	-	-	-	5	2	-	1	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	16	147	156
Sejong	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	16	12
Gyeonggi	1	14	13	5	43	30	2	4	2	1	7	5	-	-	1	-	-	-	-	-	-	160	1,528	1,294
Gangwon	1	14	3	-	6	7	-	-	-	1	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	38	319	263
Chungbuk	2	5	3	1	6	5	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	22	203	219
Chungnam	-	1	3	5	10	5	-	3	1	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	49	334	300
Jeonbuk	-	6	3	-	1	4	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	31	287	282
Jeonnam	-	1	1	-	2	3	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	46	390	316
Gyeongbuk	-	1	6	-	12	3	-	5	-	-	4	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	67	534	485
Gyeongnam	-	2	2	1	9	10	-	-	-	-	1	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	54	511	495
Jeju	-	1	-	-	4	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	19	77	86

-: No reported cases; Cum.: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

* Incidence data for reporting year 2014 and 2013 is provisional, whereas data for 2009, 2010, 2011 and 2012 are finalized.

† Reported cases contain all case classifications (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease, respectively.

§ Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years.

Table 3. Provisional cases of reported sentinel surveillance disease, Republic of Korea, weeks ending March 8, 2014 (10th Week)*

Unit: case[†]/sentinel

	Viral hepatitis			Sexually Transmitted Diseases											
	Hepatitis C			Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
	Current week	Cum. 2014	Cum. 5 year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5 year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5 year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5 year average [§]	Current week	Cum. 2014	Cum. 5 year average [§]
Total	2.5	10.0	12.7	2.1	3.9	4.1	2.1	5.6	6.9	2.5	6.7	6.4	1.6	4.8	3.9

-: No reported cases.

Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.

[†] Reported cases contain all case classifications (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease, respectively.[§] Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding years.

주요 통계 이해하기

〈Table 1〉은 법정감염병의 지난 5년간 발생과 해당 주의 발생 현황을 비교한 표로, 「Current week」는 해당 주의 보고 건수를 나타내며, 「Cum, 2014」는 2014년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 「5-year weekly average」는 지난 5년(2009-2013년)의 해당 주의 보고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 보고 건수(총 25주) 평균으로 계산된다. 그러므로 「Current week」와 「5-year weekly average」에서의 보고 건수를 비교하면 주 단위로 해당 시점에서의 보고 수준을 예년의 보고 수준과 비교해 볼 수 있다. 「Total cases reported for previous years」는 지난 5년간 해당 감염병의 보고 총수를 나타내는 확정 통계이며 연도별 보고 건수 현황을 비교해 볼 수 있다.

예) 2014년 12주의 「5-year weekly average(5년간 주 평균)」는 2009년부터 2013년의 10주부터 14주까지의 보고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

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

	10주	11주	12주	13주	14주
2014년			해당 주		
2013년	X1	X2	X3	X4	X5
2012년	X6	X7	X8	X9	X10
2011년	X11	X12	X13	X14	X15
2010년	X16	X17	X18	X19	X20
2009년	X21	X22	X23	X24	X25

〈Table 2, 3〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 「Cum, 5-year average」와 「Cum, 2014」를 비교해 보면 최근까지의 누적 보고 건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 보고 건수와의 비교가 가능하다. 「Cum, 5-year average」는 지난 5년(2009-2013년) 동안의 동기간 보고 누계 평균으로 계산된다.

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, 주간 건강과 질병 PHWR

ISSN:2005-811X

PHWR Vol.7 NO.12

www.cdc.go.kr

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리본부가 보유한 각종 감시 및 조사사업, 연구자료에 대한 종합, 분석을 통하여 근거에 기반한 질병과 건강 관련 정보를 제공하고자 최선을 다할 것이며, 제공되는 원고내용은 질병관리본부의 입장과는 무관함을 알립니다.

주간 건강과 질병에서 제공되는 감염병 통계는 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」에 의거한 국가감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기초로 집계된 것이며, 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 것으로 확진결과가 나오거나 다른 병으로 확인되는 경우 수정 및 변동 가능한 잠정 통계입니다.

동 간행물은 인터넷(<http://www.cdc.go.kr>)에 주간단위로 게시되며 이메일을 통해 정기적인 구독을 원하시는 분은 oxsi@korea.kr로 신청하여 주시기 바랍니다.

주간 건강과 질병에 대하여 궁금하신 사항은 oxsi@korea.kr로 문의하여 주시기 바랍니다.

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2014년 3월 21일

발 행 인 : 양병국

편 집 인 : 정충현

편집위원 : 윤승기, 최혜련, 박영준, 김윤아, 최영실, 김기순, 정경태, 최병선, 조신형, 조성범, 김봉조,
구수경, 김용우, 배근량, 박선희, 조승희, 최수영

편 집 : 질병관리본부 감염병관리센터 감염병감시과

총복 청원군 오송읍 오송생명 2로 187 오송보건의료행정타운 (우)363-951

Tel. (043)719-7166, 7176 Fax. (043)719-7189

<http://www.cdc.go.kr>



질병관리본부