pISSN 2005-811X
eISSN 2586-0860

www.kdca.go.kr

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol. 13, No. 47, 2020

CONTENTS

역학 · 관리보고서

3340 국내에서 분리된 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균의 분자역학적 분석에 따른 유행 현황, 2016~2018년

3348 2019년 국내 분리 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)의 내성 경향 분석

3356 MLST 유전형 분석에 따른 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균 현황, 2006~2019년

감염병 통계

3364 환자감시 : 전수감시, 표본감시
병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스
매개체감시 : 말라리아 매개모기, 쯔쯔가무시증 매개털진드기

질병관리청

역학 · 관리보고서 1

국내에서 분리된 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균의 분자역학적 분석에 따른 유행 현황, 2016~2018년

질병관리청 감염병분석국 세균분석과 **주성제, 고은별, 황규잠***
질병관리청 충청권질병대응센터 진단분석과 **유재일**

*교신저자 : kyuhwang61@korea.kr, 043-719-8110

초 록

반코마이신은 메티실린 내성 황색포도알균(MRSA) 감염증에 사용되는 대표적인 치료제 중 하나이다. 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균(VISA)은 1996년 일본에서 처음 보고되었고, 2002년 미국에서 반코마이신 내성 황색포도알균(VRSA)이 발견되면서부터 반코마이신 중등도 내성 및 내성에 여러 나라들의 관심도가 높아지게 되었다. 본 원고는 국내에서 분리된 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균의 병원성 인자 및 분자역학적 특성을 파악하고자 하였다.

2016년에서 2018년까지 질병관리본부 감시체계에서 확보된 황색포도알균 80주의 반코마이신 항생제 감수성시험 결과, 9주가 반코마이신 중등도(4~8㎍/㎖) 내성주임을 확인하였다. 반코마이신에 중등도 내성인 황색포도알균의 다제내성을 확인하고자 반코마이신 이외 20종의 항생제에 대한 내성패턴과 내성유전자 및 병원성인자를 확인하기 위해 이동성 유전자(SCCmec)형, 장독소(Staphylococcal enterotoxin) 유전자 9종과 발열, 혈압저하, 발적 등의 Staphylococcal Toxin Shock Syndrome (TSS)을 일으키는 독성 쇼크 증후군 독소(Toxic Shock Syndrome Toxin-1, TSST-1), 면역세포에 구멍을 내어 세포를 파괴시키는 독소인 백혈구파괴독소(Panton-valentine leukocidin, PVL), 균체외독소 중 하나인 포도알균 열상 피부증후군(Staphylococcal scalded skin syndrome, SSSS)의 원인물질인 표피박탈독소(Exfoliative toxin) 3종의 독소 유전자를 확인하였고 분자역학적 특성을 파악하기 위해 PFGE, MLST, SPA typing을 실시하였다.

실험결과 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균은 베타락탐계열 항생제에 모두 내성을 보였고, 비베타락탐계열인 퀴놀론계와 테드라사이클린계 항생제에도 내성을 보여 9주 모두 다제내성균으로 확인되었다. 장독소 유전자인 *sec, seg, sei*를 모두 가지는 균은 8주 였으며, 독성 쇼크 증후군 독소(Toxic Shock Syndrome Toxin-1, TSST-1)도 8주에서 검출되었다. 그러나 표피박탈독소와 백혈구파괴독소는 모두 검출되지 않았다. 이동성 유전자 SCC*mec* II형을 가진 ST5(SCC*mec* II-ST5-t2460)도 7주에서 확인되었다. 또한 PFGE 분석결과 4개의 유형이 확인되었고, 93.2%의 유사 범주로 연관성을 나타내었다.

국내 분리 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균의 9주는 모두 다제내성 균임을 확인하였고, 국내에서 주를 이루고 있는 SCC*mec* II형을 가진 ST5(SCC*mec* II-ST5-t2460)라는 기존 보고와 동일한 유형이었다. 국내에서 VRSA 출현이 아직 확인되지 않았으나 반코마이신 내성 황색포도알균의 지속적인 감시와 특성 분석이 필요시 된다.

주요 검색어 : 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균(VISA), PFGE, MLST, SCCmec

들어가는 말

황색포도알균(*Staphylococcus aureus*)은 피부염, 균혈증, 폐렴, 식중독 등 다양한 감염증을 일으키는 병원체로서 의료관련감염의 주요 원인균으로 보고되고 있다[1]. 1940년도에 페니실린(Penicillin)이 임상에 처음 도입되어 황색포도알균 감염 치료에 사용되었으나 1950년대에 페니실린 내성 황색포도알균이 60% 이상으로 증가했다. 이를 치료하기 위하여 여러 항균제가 개발되었으며, 1960년대 초반부터 메티실린(Methicillin)이 1960년에 도입되었으나, 항생제의 빈번한 사용과 노출로 인하여 그 다음해인 1961년에 메티실린 내성 황색포도알균(Methicillin-resistant *S. aureus*, MRSA)이 출현하기 시작했다[2]. MRSA의 출현으로 인한 MRSA 감염증 치료에 반코마이신(Vancomycin)이 사용되었으나 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균(Vancomycin-intermediate *S. aureus*, VISA)이 1996년에 일본에서 처음 분리되었다[2]. 이 후 미국, 독일, 인도를 비롯하여 전 세계적으로 분리 보고되었으며[3], 한국에서는 2000년에 처음 보고되었다[4]. 2002년 미국 미시간(Michigan)에서 반코마이신 내성 황색포도알균(Vancomycin -resistant *S. aureus*, VRSA)이 최초로 분리된 이후 2014년에 미국 13번째 사례가 보고되었다[7].

국내에서는 항생제 내성균 감시체계인 국가 항균제 내성 조사 연보(Koran antimicrobial resistance monitoring system, KARMS)에서 지속적인 감시와 현재 법정감염병 2급으로 분류되어 전수조사를 통한 진단분석을 하고 있다. 다행히도 현재까지 국내에서 VRSA가 보고된 적은 없으나 2000년 첫 VISA 증례가 보고된 이후 지속적으로 분리되고 있어 본 연구에서는 2016~2018년 국내 표본감시 및 전수감시 통해 분리된 VISA의 특성을 확인하고자 하였다.

몸 말

2016년부터 표본감시를 수행하였고 2017년 6월 3일 이후 전수감시로 전환되었다. 2016년~2018년 표본감시 및 전수조사 결과 VRSA로 의심되어 확인동정 시험이 의뢰된 분리주는 총 80주였고, 의뢰된 분리주를 확인동정한 후 단일집락을 증균하여 반코마이신에 대한 항생제 최소 억제 농도(Minimal Inhibitory Concentration, MIC)를 액체배지 미량희석법(Broth microdilution method) 시험법으로 확인하였다. Clinical and Laboratory Standards Institute(CLSI) 지침에 따라 액체배지 미량희석법으로 반코마이신 MIC ≤2 ㎍/㎖이면 감수성, 4~8 ㎍/㎖는 중등도 내성, ≥16 ㎍/㎖는 내성으로 판정하였고, 표준균주도 함께 실험하여 MIC 결과가 허용범위 내에 있는지 확인하였다. 반코마이신 외 20종의 항균제에 대해서도 함께 실험하였다. 실험결과 VRSA로 판정되는 경우는 없었으며 반코마이신 감수성 결과값이 4~8 ㎍/㎖으로 중등도 내성으로 판정된 것은 9주가 확인되었다(표 1).

추가적으로 20가지 항균제에 대한 감수성 시험결과 β-lactam 계열의 항균제인 ampicillin, penicillin, oxacillin, ceftriaxone, cefoxitin에서는 모두 내성으로 확인되었다. Non-β-lactam 계열의 항균제 중 erythromycin, tetracycline, ciprofloxacin, moxifioxacin, gatifloxacin, levofloxacin, clindamycin에서는 모두 내성으로 확인되었고 gentamicin에서는 7주, rifampicin에서는 4주가 내성으로 확인되어 Macrolides계, Tetracyclines계, Fluoroquinolones계 등 여러 계열의 항생제에 다제내성임이 확인되었다. Nitrofurantoin, trimethoprim/sulfamethoxazole, linezolid, quinupristin/dalfopristin에서는 모두 감수성으로 확인되었다(표 2).

황색포도알균의 메티실린 내성을 확인하는 *mecA* 유전자는 Staphylococcal Cassette Chromosome *mec*(SCC*mec*)이라는

표 1. 2016~2018년 국내 분리 VISA 균주의 반코마이신 항생제 감수성 테스트 결과

항생제 감수성 테스트 방법	반코마이신 항생제 최소 억제 농도(μg/ml)					해석
	1	2	4	8	16	
액체배지 미량 희석법	16	56	9	-	-	감수성(72) / 중등도 내성(9)

표 2. 2016~2018년 국내 분리 VISA 9균주의 항생제 감수성 테스트 결과

항생제 계열	항생제	분리주(%)		
		감수성	중등도 내성	내성
β-lactams	Ampicillin	0	0	9 (100)
	Penicillin	0	0	9 (100)
	Oxacillin	0	0	9 (100)
	Ceftriaxone	0	0	9 (100)
	Cefoxitin	0	0	9 (100)
Non-β-lactams	Daptomycin*	7 (77.8)	-	-
	Gentamicin	2 (22.2)	0	7 (77.8)
	Erythromycin	0	0	9 (100)
	Tetracycline	0	0	9 (100)
	Ciprofloxacin	0	0	9 (100)
	Moxifioxacin	0	0	9 (100)
	Gatifloxacin	0	0	9 (100)
	Levofloxacin	0	0	9 (100)
	Nitrofurantoin	9 (100)	0	0
	Clindamycin	0	0	9 (100)
	Trimethoprim/sulfamethoxazole	9 (100)	0	0
	Chloramphenicol	6 (66.7)	3 (33.3)	0
	Rifampin	5 (55.6)	0	4 (44.4)
	Quinupristin/dalfopristin	9 (100)	0	0
	Linezolid	9 (100)	0	0

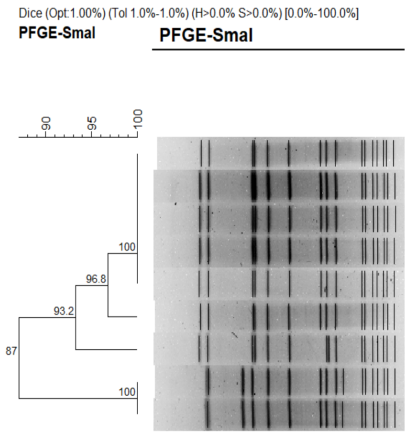
*Daptomycin 구획점은 감수성에 대해서만 정의됨.

이동성 유전자 부위에 위치하는데, 대부분의 SCC*mec*은 I~IV형에 속한다. 독성유전자는 장독소(Staphylococcal enterotoxin) 유전자 9종(*sea-see, seg-sej*)과 발열, 혈압저하, 발적 등의 Staphylococcal Toxin Shock Syndrome(TSS)을 일으키는 독성 쇼크 증후군 독소(Toxic Shock Syndrome Toxin-1, TSST-1), 면역세포에 구멍을 내어 세포를 파괴시키는 독소인 백혈구파괴독소(Panton-valentine leukocidin, PVL), 균체외독소중 하나인 포도알균열상성피부증후군(Staphylococcal scalded skin syndrome, SSSS)의 원인물질인 표피박탈독소(Exfoliative toxin) 유전자 등이 보고되고 있다[8,11]. 따라서 VISA 분리주의 분자생물학적 특성을 확인하기 위해 SCC*mec* 형, 장독소 9종(*sea-see, seg-sej*), TSST-1,PVL, 표피박탈독소(eta~etd) 유전자를 각각 multiplex PCR을 실시하여 확인하였다. 분자역학적 유연관계를 확인하고자 7개의 House keeping gene(*arcc, aroe, glpf, gmk, pta, tpi, yqil*)을 이용한 Multilocus Sequence Type(MLST)을 분류하였으며 추가로 SPA(*Staphylococcus* protein A) typing 및 PFGE(Pulsed field gel electrophoresis)를 통해 패턴을 비교분석하였다.

분리된 9주의 VISA 유전자 분석 결과 9주 모두 SCC*mec* II형으로 확인되었고 독성쇼크증후군독소(TSST-1) 유전자는 8주에서 검출되었다. 장독소 유전자인 *sec, seg, sei* 유전자는 8주, seg, sei 유전자는 1주가 확인되었고 백혈구파괴독소와 표피박탈독소는 9주 모두 유전자를 갖고 있지 않는 것으로 확인 되었다. MLST

표 3. 2016~2018년 국내 분리 VISA 9균주의 분자생물학적 특성

MLST (ST 유형)	SPA 유형	SCCmec	TSST-1	장독소	표피박탈독소	백혈구 파괴독소	분리수	분리연도
5	t2460	II	양성	*sec, seg, sei*	음성	음성	6	2017~2018
5	t264	II	양성	*sec, seg, sei*	음성	음성	1	2016
5	t2460	II	음성	*seg, sei*	음성	음성	1	2018
미상	t2460	II	양성	*sec, seg, sei*	음성	음성	1	2016



	MLST(ST유형)	SPA 유형	SCCmec	TSST-1	장독소	표피박탈독소	백혈구 파괴독소	분리연도
STAS16.062	5	t264	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2016
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2017
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2017
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.123	미상	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2016
STAS16.122	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.125	5	t2460	II	-	*seg, sei*	-	-	2017
STAS16.125	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018

그림 1. 2016~2018년 국내 분리 VISA 9균주의 PFGE 계통도 및 특성

분석 결과에서도 8주가 ST5로 확인되었고 1주가 ST5과 유사하지만 기존에 보고되어 있지 않는 미분류로 확인되어 추가 검증이 필요하다. SPA typing에서도 8주가 t2460으로 확인되었고 1주만 t264로 확인되었다(표 3).

9주의 VISA 분리주로 분자역학적 연관성을 분석하기 위하여 PFGE를 통해 유사성을 분석한 결과, 4가지 유형으로 확인 되었으며 STAS16. 125 유형을 제외한 나머지 유형에서 93.2% 유사범주를 보여 3유형간의 연관성을 보여 주었다(그림 1).

맺는 말

VRSA는 현재 국내에서 분리되지 않았으나 VISA는 지속적으로 분리되고 있다[9]. 2016~2018년에 분리된 VISA 9주를 대상으로 특성을 조사한 결과 모든 VISA 분리주 모두 β-lactam 계열의 항균제 및 Non-β-lactam 계열의 항균제들에서 대부분 내성을 보이는 다제내성균이며 ST5, SCC*mec* II형, t2460이 주를 이루고 PFGE 분석에서도 3그룹의 유형이 연관성이 확인되었다. 이는 국내에서 분리되는 MRSA가 대부분 SCC*mec* II형을 가진 ST5주(ST5-SCC*mec* II)라는 기존 보고와도 일치하였다[9]. 따라서 국내에서도 VRSA 출현을 사전에 예방하고, 발생 시 신속히 조치하기 위해서는 VISA에 대한 지속적인 감시와 특성 분석이 필요하다.

① 이전에 알려진 내용은?

국내에서는 VRSA 발생이 되지는 않았지만 VISA 출현이 문제가 되고 있는 것은 이미 알려진 사실이다. 그러나 집단발생의 위험이 있는 VISA/VRSA 전파 관리를 위하여 정확한 유행형 파악이 필요하다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2016~2018년에도 국내에서 주로 분리되는 ST5-SCC*mec* II-t2460 타입은 기존 보고와도 일치하는 것으로 국내 VISA의 첫 출현 이후 지속적으로 같은 유형의 유행함을 알 수 있었으며 분석 중에 아직 보고된 적이 없어 MLST 타입으로 분류가 되지 않는 1주에 대해서 추가 검증이 필요하다.

③ 시사점은?

전국 의료기관에서 분리된 VISA를 대상으로 국내 반코마이신 중등도 내성 황색포도알균의 분리 현황 및 주요 유전형을 확인하여 향후 특정 내성균 유행에 관한 과학적 근거를 마련하는데 의의가 있다.

참고문헌

1. National Institute of Health, Korea Center for Disease Control and Prevention. Korean Antimicrobial Resistance Monitoring System (KARMS) Annual Report. 2014. p10.
2. Hiramatsu K, Hanaki H, Ino T, Yabuta K, Oguri T, Tenover FC, *et al*. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clinical strain with reduced vancomycin susceptibility. J Antimicrob Chemother 1997;40:135-6
3. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Staphylococcus aureus* with reduced susceptibility to vancomycin-Illinois, 1999. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2000;48:1165-1167.
4. Kim MN, Pai CH, Woo JH, Ryu JS, Hiramatsu K. Vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* in Korea. J Clin Microbiol 2000;38:3879-81.
5. Song JH. Antimicrobial resistance in gram-positive cocci: Past 50 Years, present and future. Infect Chemother 2011;43:443-449.
6. Zhu X, Liu C, Gao S, Lu Y, Chen Z, Sun Z. Vancomycin intermediate-resistant *Staphylococcus aureus*(VISA) isolated from a patient who never received vancomycin treatment. Int J Infect Dis. 2015 Apr;33:185-90.
7. Limbago BM, Kallen AJ, Zhu W, Eggers P, McDougal LK, Albrecht VS. Report of the 13th vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* isolate from the United States. J Clin Microbiol. 2014 Mar;52(3):998-1002.
8. Kim JS, Kim HS, Song W, Cho HC, Lee KM, Kim EC. Molecular epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates with toxic shock syndrome toxin and staphylococcal enterotoxin C genes. Korean J Lab Med 2007;27:118-123.
9. Chung G, Cha J, Han S, Jang H, Lee K, Yoo J, Yoo J, Kim H, Eun S, Kim B, Park O, Lee Y. Nationwide surveillance study of vancomycin intermediate *Staphylococcus aureus* strains in Korean hospitals from 2001 to 2006. J Microbiol Biotechnol 2010;20:637-642.
10. Melo-Cristino J, Resina C, Manuel V, Lito L, Ramirez M. First case of infection with vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* in Europe. Lancet. 2013;382:9888.
11. Michal Bukowski, Benedykt Wladyka, Grzegorz Dubin Exfoliative toxin of *Staphylococcus aureus*, Toxins 2010,2, 1148-16165;doi10.3390/toxins2051148

Abstract

Characteristics of vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) isolates in Korea, 2016-2018

Joo Seong-Jae, Go Eunbyeul, Hwang kyu Jam
Division of Bacterial Diseases, Bureau of infectious Disease Diagnosis Control, KDCA
Yoo Jaeil
Chungcheong Regional Center for Disease Control and Prevention, RCDC

Vancomycin an antibiotic used to threat a number of bacterial infections, is used for treatment of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). Since the first isolate of vancomycin-intermediate *staphylococcus aureus* (VISA) from Japan in 1996, and the discovery of the isolate of the vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* (VRSA) in the United States in 2002, a major concern for many countries with vancomycin-intermediate and vancomycin-resistant *staphylococcus aureus*. This study airmed to identify the characteristics of VISA isolates in Korea from 2016 to 2018.

As a result of study, the antimicrobial susceptibility test of 80 strains of *Staphylococcus aureus* obtained through sentinel surveillance and a thorough investigation from 2016 to 2018, 9 strains of vancomycin-intermediate resistant (4-8 ㎍/㎖) strains were identified. Vancomycin intermediate *S. aureus* confirmed the characteristics of the vancomycin intermediate *S. aureus*, a resistance pattern to 20 antibiotics other than vancomycin. In addition, mobility gene (SCCmec) types and 9 types of Staphylococcal enterotoxin genes and toxic shock syndrome toxin-1 (TSST-1), which causes staphylococcal toxic shock syndrome (TSS) such as fever, blood pressure reduction, redness, etc... and panton-valentine leukocidin (PVL), a toxin that destroys cells by puncturing immune cells and among extracellular toxins three types of exfoliative toxin, which causes Staphylococcal scalded skin syndrome (SSSS) were identified. In addition, pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), multilocus sequence typing (MLST), and staphylococcal preotein A (SPA) Typing were confirmed for molecular epidemiological characteristics.

This study's results indicated that vancomycin intermediate resistant *S. aureus* was resistant to all beta-lactam antibiotics and resistant to non-betalactam-series quinolone and tetracycline antibiotics, and all 9 strains were identified as multidrug resistant bacteria. Enterotoxic genes *sec*, *seg* and *sei* were found in 8 strains, and TSST-1 were also detected in 8 strains. However exfoliative, panton-valentine leukocidin genes were not detected. ST5 (SCCmec II-ST5-t2460) with type SCCmec II was identified in 7 strains. As a result of the PFGE analysis of 9 strains of vancomycin intermediate *S. aureus*, 4 types were identified, and the 3 types showed a similarity category of 93.2%.

In this study, the characteristics of vancomycin intermediate *S. aureus* showed multidrug resistant in all 9 strains, and was consistent with previous reports of ST5 (SCCmec II-ST5-t2460) with SCCmec type II, which is dominant in Korea. Therefore, in order to prevent the emergence of VRSA in Korea and to promptly take action when it occurs, continuous monitoring and characteristic analysis of VRSA is required.

Keywords: Vancomycin intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA), PFGE, MLST, SCCmec

Table 1. Antimicrobial susceptibility results of 9 vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) isolates in Korea, 2016-2018

Methods for antimicrobial susceptibility testing	MICs (μg/ml) of vancomycin					Interpretation
	1	2	4	8	16	
Broth microdilution method	16	56	9	-	-	S (72) / I (9)

Abbreviations: R, Resistant; I, Intermediate; S, Susceptible

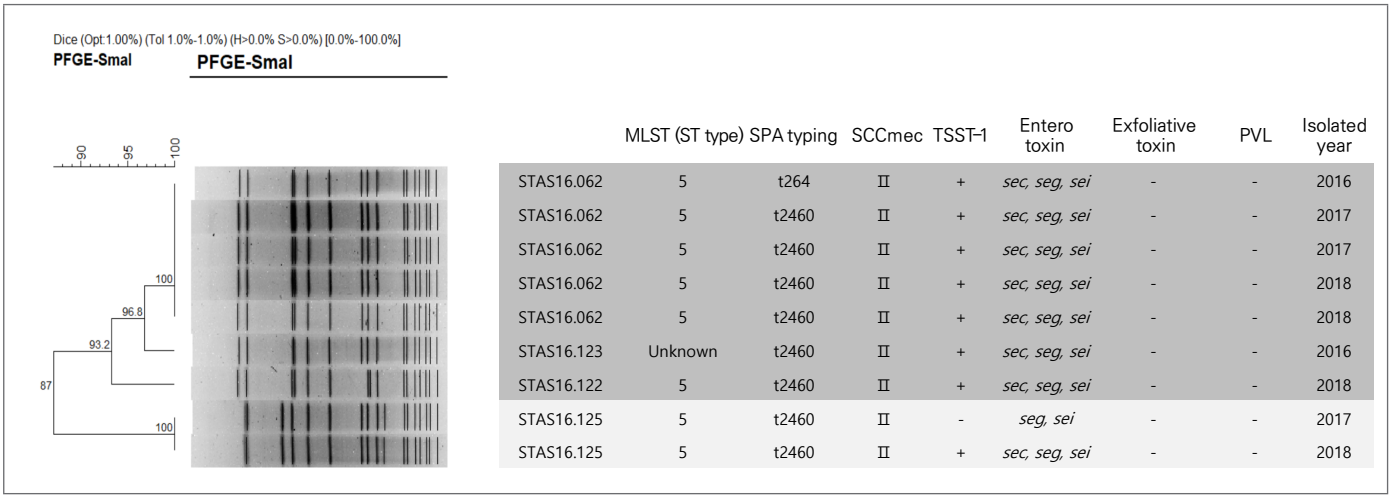
Table 2. Antimicrobial susceptibility pattern of 9 vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) isolates in Korea, 2016-2018

Antimicrobial class	Antimicrobial agents	Number of isolates (%)		
		Susceptible	Intermediate	Resistant
β-lactams	Ampicillin	0	0	9 (100)
	Penicillin	0	0	9 (100)
	Oxacillin	0	0	9 (100)
	Ceftriaxone	0	0	9 (100)
	Cefoxitin	0	0	9 (100)
Non-β-lactams	Daptomycin*	7 (77.8)	-	-
	Gentamicin	2 (22.2)	0	7 (77.8)
	Erythromycin	0	0	9 (100)
	Tetracycline	0	0	9 (100)
	Ciprofloxacin	0	0	9 (100)
	Moxifioxacin	0	0	9 (100)
	Gatifloxacin	0	0	9 (100)
	Levofloxacin	0	0	9 (100)
	Nitrofurantoin	9 (100)	0	0
	Clindamycin	0	0	9 (100)
	Trimethoprim/sulfamethoxazole	9 (100)	0	0
	Chloramphenicol	6 (66.7)	3 (33.3)	0
	Rifampin	5 (55.6)	0	4 (44.4)
	Quinupristin/dalfopristin	9 (100)	0	0
	Linezolid	9 (100)	0	0

*Daptomycin Breakpoint is only defined for S, Susceptible.

Table 3. Molecular characteristics of 9 vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) isolates in Korea, 2016-2018

MLST (ST type)	SPA typing	SCCmec	TSST-1	Enterotoxin	Exfoliative toxin	PVL	No. of isolates	Isolated year
5	t2460	II	Positive	*sec, seg, sei*	Negative	Negative	6	2017-2018
5	t264	II	Positive	*sec, seg, sei*	Negative	Negative	1	2016
5	t2460	II	Negative	*seg, sei*	Negative	Negative	1	2018
Unknown	t2460	II	Positive	*sec, seg, sei*	Negative	Negative	1	2016



	MLST (ST type)	SPA typing	SCCmec	TSST-1	Entero toxin	Exfoliative toxin	PVL	Isolated year
STAS16.062	5	t264	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2016
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2017
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2017
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.062	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.123	Unknown	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2016
STAS16.122	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018
STAS16.125	5	t2460	II	-	*seg, sei*	-	-	2017
STAS16.125	5	t2460	II	+	*sec, seg, sei*	-	-	2018

Figure 1. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) dendrogram and characteristics of 9 vancomycin-intermediate *staphylococcus aureus* (VISA) isolates in Korea, 2016-2018

역학 · 관리보고서 2

2019년 국내 분리 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)의 내성 경향 분석

질병관리청 감염병진단분석국 세균분석과 **고은별, 주성제, 황규잠***
질병관리청 경북권질병대응센터 진단분석과 **박성도**

*교신저자 : kyuhwang61@korea.kr, 043-719-8110

초 록

카바페넴내성장내세균속균종(CRE)은 주요 의료관련감염병 중 하나로서 국내뿐 아니라 전 세계적으로 빠르게 증가하고 있다. 카바페넴 내성 기전 중 하나로 카바페넴분해효소 생성이 있는데, 카바페넴분해효소 유전자는 플라스미드 형태로 존재하여 다른 균주로의 수평적인 전파가 가능하기 때문에 카바페넴 내성 확산의 원인이 되고 있다. 폐렴막대균(*Klebsiella pneumoniae*)은 병원 환경에서 집락화하는 특성이 있어 CRE의 대부분을 차지하고 있으며 국내에서 가장 많이 확인되는 카바페넴분해효소 유전자는 KPC 유형으로 보고되고 있다. 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」 개정에 따라 2020년부터 CRE는 제2급감염병으로 구분되어, 환자관리 및 전파 대응을 위하여 기존의 전수감시체계를 유지하고 있다. 본 원고는 2019년도에 전국 시·도 보건환경연구원에서 의뢰된 CRE균주 8,333주를 대상으로 균종 분포, 카바페넴내성 경향 및 내성유전형 분포 등을 분석하고자 하였다.

카바페넴내성장내세균속균종의 대부분은 폐렴막대균(*Klebsiella pneumoniae*, 59.9%)과 대장균 (*Escherichia coli*, 19.4%)이었고, 각 카바페넴 항생제에 대한 내성률은 얼타페넴(Ertapenem, 99.4%), 메로페넴(Meropenem, 70.0%), 이미페넴(Imipenem, 73.2%), 도리페넴(Doripenem, 55.8%)으로 확인되었다. 카바페넴내성장내세균속균종 중 카바페넴분해효소생성장내세균속균종(CPE)은 74.4%이었으며, 가장 많이 분리된 유전자형은 폐렴막대균 카바페넴분해효소-2(KPC-2, 78.2%)이었고, 뉴델리 메탈로 -베타락타마제-1(NDM-1, 9.4%), 뉴델리 메탈로-베타락타마제-5(NDM-5, 5.4%), 그리고 뉴델리 메탈로-베타락타마제-5/옥사실린 분해효소-181(NDM-5/OXA-181, 2.4%) 순으로 확인되었다. 2019년 국내에서 유행하는 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)과 카바페넴분해효소생성장내세균속균종(CPE)의 유전형에 대한 정보 분석 결과 폐렴막대균(*Klebsiella pneumoniae*)과 대장균(*Escherichia coli*)이 주를 이루고 있으며 가장 많이 분리된 유전자형은 KPC-2형으로 작년과 비교했을 때 비슷한 수준을 알 수 있었다. 따라서 주요 균종 및 유전자형 분포에 대한 지속적인 감시로 국내 감염병 발생 현황 및 대응에 활용할 수 있을 것으로 사료된다.

주요 검색어 : 카바페넴내성장내세균속균종(CRE), 카바페넴분해효소생성장내세균속균종(CPE), 폐렴막대균, 폐렴막대균 카바페넴분해효소-2

들어가는 말

카바페넴내성장내세균속균종(Carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*, CRE)은 의료관련감염병 원인병원체 중 하나로 면역력이 취약한 계층에서 발생률이 높아 문제가 되고 있다. CRE는 카바페넴 내성 기전에 따라 베타락탐분해효소를 생성하는 카바페넴분해효소생성장내세균속균종(Carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*, CPE)과 유출펌프의 생성, 외막단백질 투과성 변형 등으로 인한 카바페넴에 내성을 보이는(non-CPE)로 나누어진다[1]. 카바페넴 분해효소 생성 유전자는 주로 플라스미드로 존재하는데, 그람음성세균의 경우 유전물질의 수평적 전이가 활발하게 일어나기 때문에 CPE 유전자가 쉽게 전파될 가능성이 있다. CPE 유전자형은 현재까지 2,100개 이상이 보고되었으며, 국가별로 주요 분포 유전형이 다른 것으로 보고되고 있다. 국내에서

많은 KPC 유전자형은 미국, 브라질, 이스라엘, 이탈리아 등에서 많이 확인되고 있고, IMP는 일본과 대만, OXA-48형은 모로코와 터키, NDM형은 인도와 방글라데시 등에서 많이 확인되고 있다[2]. 폐렴막대균(Klebsiella pneumoniae)은 의료시설에 집락화하는 능력이 뛰어나 병원 내 감염의 주요 원인균으로서 CRE 중 가장 높은 비율을 차지하고 있다. 1996년 *K. pneumoniae*에서 KPC 유전자가 처음 발견된 이래로 현재까지 75종의 KPC 유전자형이 보고되었다. 2018년도 결과에 따르면 CPE 양성인 *K. pneumoniae*의 87.6%가 KPC 유전자를 보유하였고, 그 중 KPC-2 유형이 86%를 차지했다[3].

2020년 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」이 개정됨에 따라 카바페넴내성장내세균속균종(CRE) 감염증은 제2급감염병으로 분류되며 환자 관리 및 유행 확산 대응을 위해 전수감시체계로 운영하고 있다. 최근 요양병원, 종합병원 등에서 환자 전원 등을 통한 CRE의 급속한 확산이 문제시 되고 있으며, CRE 환자 발생 시 환자 격리조치를 실시해야하고, 감염관리에 비상이 생겨 인적, 물적 손실로 인한 사회적 관심도가 높은 상황이다.

본 내용에서는 2019년 전국 시·도보건환경연구원에서 분리된 CRE 균주의 균종, 항생제감수성 경향 및 CPE 유전자형 분포 현황에 대해 분석한 정보를 제공하고자 한다.

몸 말

2019년 1월부터 12월까지 전국 의료기관에서 시·도보건환경연구원으로 CRE 검사 의뢰된 중복환자 건을 제외한 9,246주 중 CRE 양성으로 확인된 8,333주를 대상으로 분석하였다. 균 동정은 16S rRNA 염기서열 분석 또는 자동화장비를 이용해 수행하였으며, 항생제감수성 검사는 액체배지미량희석법으로 수행하였다. 카바페넴 분해효소 CPE 유전자형 6종(IMP, OXA, VIM, NDM, KPC, GES)에 대한 유전자 검사는 PCR 검사로 확인하였다.

CRE로 분리된 균종은 *Klebsiella pneumoniae*와 *Escherichia coli*가 각각 4,989주(59.9%), 1,614주(19.4%)로 전년도와 동일하게 가장 많았고, 그 다음으로 *Klebsiella* spp. 371주(4.5%), *Enterobacter cloacae* 324주(3.9%), *Citrobacter freundii* 217주(2.6%), *Klebsiella aerogenes* 171주(2.1%), *Citrobacter koseri* 127주(1.5%), *Enterobacter* spp. 125주(1.5%), *Klebsiella oxytoca* 112주(1.3%), 이 외 283주(3.4%)에서 41종의 균종이 분리되었다(그림 1).

CRE로 확인된 균주 중 6,196주(74.4%)가 CPE 양성 균주로 확인되어 전년도보다 증가하였고, 나머지 2,137주(25.6%)는 음성 균주로 확인되었다. CPE 양성 균주의 유전자형 분포는 KPC-2가 4,843주(78.2%)로 가장 많이 확인 되었고, 그 다음으로 NDM-1 584주(9.4%), NDM-5 332주(5.4%), OXA-181/NDM-5 151주(2.4%),

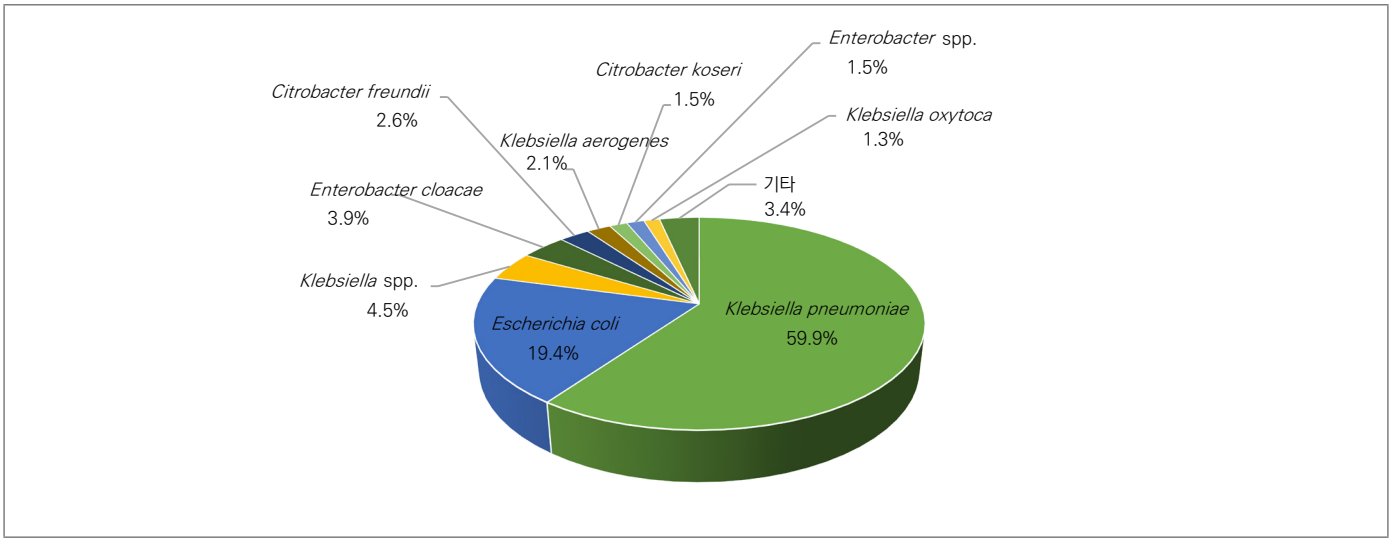


그림 1. CRE의 균종별 분포

표 1. 2019년 분리된 CRE의 카바페넴분해효소 분포 현황(대상=8,333주)

유전자형	분리주 수	유전자형	분리주 수	유전자형	분리주 수
KPC-2	4,843	NDM-7	8	NDM-3	1
NDM-1	584	IMP-4	6	NDM-4	1
NDM-5	332	VIM-2, NDM-1	6	KPC-19	1
OXA-181, NDM-5	151	IMP-1	4	KPC-23	1
OXA-181	82	VIM-2	4	KPC-43	1
KPC-4	39	NDM-2	4	KPC-54	1
KPC-3	26	NDM-6	4	OXA-181, KPC-2	1
OXA-48	25	NDM-9	4	VIM-2, KPC-2	1
NDM-1, KPC-2	14	NDM type	3	VIM-2, NDM-5	1
GES-5	12	VIM-1	2	NDM-1,GES-1	1
OXA-232	9	OXA-181, NDM-1	2	KPC-2, GES-5	1
VIM-1, KPC-4	9	IMP-6	1	KPC-3, GES-5	1
NDM-5, KPC-2	9	OXA-244	1	음성	2,137

OXA-181 82주(1.3%) 순으로 확인되었다. 그 외 33종의 유전자형이 확인되었다(표 1).

주요 확인된 CPE 유전자형인 KPC-2형은 작년 72.8%에서 78.2%로 증가하였고, NDM-1형은 12.5%에서 9.4%로 감소하였다(그림 2).

카바페넴 항생제에 대한 내성 경향을 확인한 결과, 이미페넴에 대해 자연내성 균종(*Proteus* spp., *Morganella morganii*, *Providencia* spp.) 93주를 제외한 8,240주 중 6,035주(73.2%)가 내성을 보였다. 메로페넴, 얼타페넴, 도리페넴에 대해서는 8,333주 중 각각 5,835주(70.0%), 8,281주(99.4%), 4,652주(55.8%)가 내성인 것으로 확인되었다(표 2).

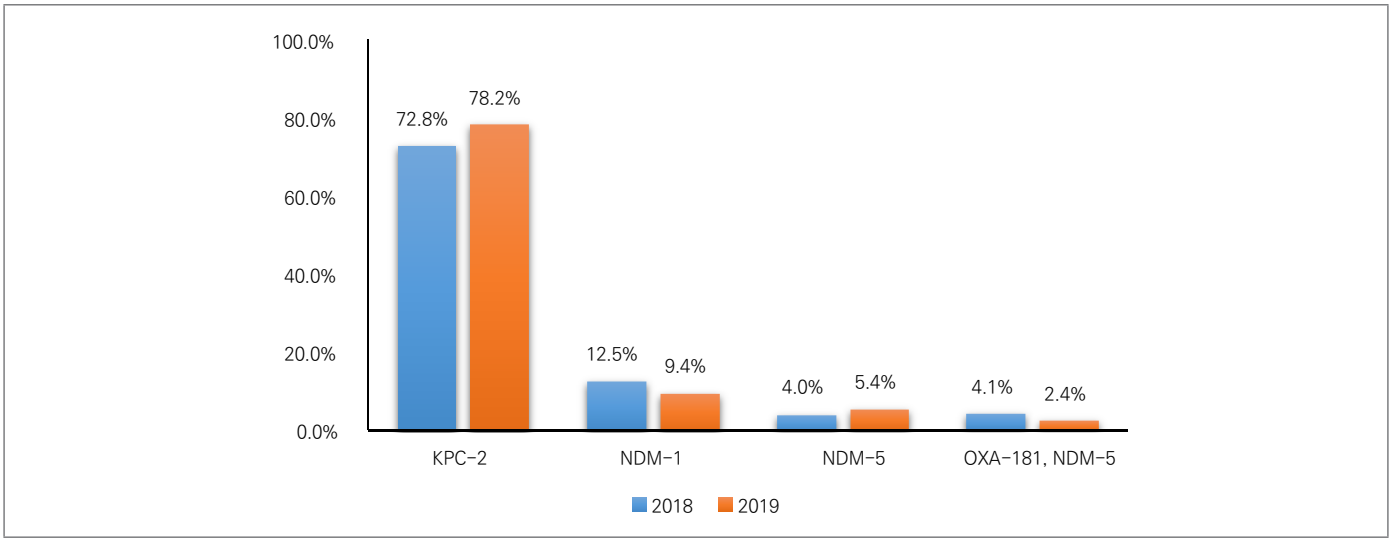


그림 2. 주요 CPE 유전자형 비교

표 2. CRE 분리주의 카바페넴 내성률(대상=8,333주)

분리균주 수(%)

항생제	최소억제농도(㎍/㎖)									MIC_{50}	MIC_{90}
	≤0.25	0.5	1	2	4	8	16	32	>32		
이미페넴*		647 (7.9)	647 (7.9)	911 (11.1)	1,641 (19.9)	2,590 (31.4)	1087 (13.2)	362 (4.4)	355 (4.3)	≥8	≥16
메로페넴		613 (7.4)	675 (8.1)	1,210 (14.5)	2,092 (25.1)	1,737 (20.8)	938 (11.3)	569 (6.8)	499 (6.0)	≥4	≥32
얼타페넴	7 (0.1)	7 (0.1)	37 (0.4)	882 (10.6)	1,453 (17.4)	2,288 (27.5)	1642 (19.7)	1,236 (14.8)	781 (9.4)	≥8	≥32
도리페넴		858 (10.3)	1083 (13.0)	1,740 (20.9)	1,980 (23.8)	1,042 (12.5)	706 (8.5)	455 (5.5)	469 (5.6)	≥4	≥32

*이미페넴 자연내성 균주 93주 제외

맺는 말

2019년 전국에서 분리된 CRE를 대상으로 카바페넴 항생제에 대한 내성 경향 및 카바페넴내성 유전자형의 분포를 확인하였다. CRE로 확인된 균종 중 기존 데이터와 동일하게 *K. pneuoniae*와 *E. coli*가 각각 59.9%와 19.4%로 가장 많은 비율을 차지했다. CRE로 확인된 8,333주 중 6,196주(74.4%)가 카바페넴분해효소 유전자를 보유한 것으로 확인되었으며, 이 중 KPC-2가 4,843주(58.1%)로 가장 많았다. 전년도와 비교하였을 때, CPE 비율은 68.7%에서 74.4%로 증가하였으며, CPE 중 가장 높은 비율을 차지하는 KPC-2의 비율도 72.8%에서 78.2%로 증가한 것으로 확인되었다. 분리주의 카바페넴 내성 경향은 전년도와 유사하였으나, 이미페넴에 대해서 분리주의 50%가 억제되는 농도값이 2018년도 분리주 대비 4에서 8㎍/㎖로 증가하였다. 항생제 내성 유전자를 전파하는 능력이 뛰어난 클론들에 대하여 국내 현황을 파악하고 대비하기 위해서는 국내 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)의 내성 및 내성 유전자형 분석과 함께 분자역학적 유전형 정보를 지속적으로 파악하는 것이 중요하다. 이에 대해서 향후 카바페넴분해효소생성장내세균속종(CPE) 유전자를 가진 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)에 대한 시퀀스 유형(ST) 분석과 같은 분자역학적 특성을 추가 보완하여 정보를 제공할 예정이다.

① 이전에 알려진 내용은?

2018년 카바페넴내성장내세균속균종(CRE) 분포현황에 따르면 국내 카바페넴 내성 유전자를 보유하고 있는 카바페넴분해효소생산내성장내세균속균종(CPE)의 비율은 68.8% 이상인 것으로 확인되었으며, KPC 유전자의 비율이 70.2%로 가장 높게 확인되었다. 또한 가장 많이 분리된 균종은 폐렴막대균(*K. pneumoniae*)으로 65.2% 확인되었고, 카바페넴분해효소 유전형은 KPC-2(72.8%)로 가장 많은 것으로 확인되었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

전수감시 전환 후 1년간 데이터를 분석한 결과, 가장 많이 분리되는 균종 및 유전형 분포 경향은 유사하였으나 카바페넴내성장내세균속균종(CRE) 중 내성 유전자 양성 분리주가 2018년 68.8% 보다 증가한 74.3%로 확인되었으며, 분리된 카바페넴내성장내세균속균종(CRE) 항생제 감수성 시험 결과 얼타페넴(ertapenem)에 99.4% 이상의 내성률로 높은 내성률을 나타내는 것으로 확인되었다.

③ 시사점은?

현재 국내에서 가장 많이 확인되고 있는 균종과 카바페넴분해효소생성장내세균속균종(CPE) 유전형에 대해 전파 클론을 파악하고 대비하기 위해서는 지속적인 분자역학적 특성정보 분석이 필요하다.

참고문헌

1. Teiji Sawa, Kunihiki Kooguchi and Kiyoshi Moriyama. Molecular diversity of extended-spectrum β-lactamases and carbapenemases, and antimicrobial resistance. *Journal of Intensive Care*. 2020;8:13.
2. Latania K. Logan and Robert A. Weinstein. The epidemiology of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae*: The impact and evolution of a global menace. *The Journal of Infecious Disease*. 2017;215(S1):S28-36.
3. 고은별, 주성제, 박성도, 유재일, 황규잠. 2018년 국내 분리 카바페넴내성장내세균속균종(CRE)의 내성 경향 분석. 주간건강과질병. 2019;12(45):1977-1983.
4. Daniela C, Alan E, Daiana GN, Priscila SP, Adriana DP, Francisco M, Claudia A, María AB, Liliana F, Gabriel G, Marcela R. Changing epidemiology of KPC-producing Klebsiella pneumoniae in Argentina: Emergence of hypermucoviscous ST25 and high-risk clone ST307. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*. 2019;18:238-242.
5. Laura V, Claudia F. and Alessandra C. Diversity, virulence, and antimicrobial resistance of the KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* ST307 clone. *Microbial Genomics*. 2017;3(4):e000110.
6. Yoon EJ, Kim JO, Kim D, Lee H, Yang JW, Lee KJ, Jeong SH. *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase producers in South Korea between 2013 and 2015. *Frontiers in Microbiology* 2018; 9(56):1-8.
7. Hong SK, Yong D, Kim K, Hong SS, Hong SG, Khosbayar T, Song W, Roh KH, Jeong SH, Lee K, Chong Y. First outbreak of KPC-2-producing Klebsiella pneumoniae sequence type 258 in hospital in South Korea. *J Clin Microbiol*. 2013;51(11):3877-79.

Abstract

Distributions of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) in Korea, 2019

Go Eunbyeul, Joo Seong-Jae, Hwang kyu Jam
Division of Bacterial Diseases, Bureau of infectious Disease Diagnosis Control, KDCA
Park Sungdo
Gyeongbuk Regional Center for Disease Control and Prevention, RCDC

The occrrence of carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE), a major healthcare-related infectious disease, is rapidly increasing not only in Korea but also around the world. Carbapenemase is a primary mechanism of resistance to carbapenems. carbapenems cause the spread of carbapenem resistance by horizontal gene transfer. Currently, the most common type of CRE is the *Klebsiella pneumoniae*, because of its ability to easily coloniz and spread quickly in hospital environments. Also, the most commonly identified carbapenemase gene in Korea is Klebsiella pneumoniae carbapenemase (KPC) type, Research indicates that it is harbored by Klebsiella pneumoniae

In accordance with the revision of the Infectious Disease Prevention and Management Act, CRE was designated as a second-class infectious disease in 2020. A total of 8,333 CRE isolates from Research Institute of Public Health and the Environment (RIPHE) were analyzed. The RIPHE analyzed distribution of strains, trends in carabapenem resistantce, and their carbapenemase gene types. A significant number of the CRE strains were *Klebsiella pneumoniae* (59.9%) and *Escherichia coli* (19.4%). The resistant rate for each carbapenem was ertapenem (99.4%), meropenem (70.0%), imipenem (73.2%) and doripenem (55.8%), respectively. Among these isolates, 74.4% of the CRE strains harbored carbapenemase genes. The predominant carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae* (CPE) strain types were KPC-2 (78.2%), NDM-1 (9.4%), NDM-5 (5.4%), and NDM-5/OXA-181 (5.4%).

This study presented the prevalent species of CRE and CPE genotypes of 2019 in Korea. This study recommended that the results be used to control and prevent infectious diseases in Korea through continuous monitoring.

Keywords: Cabapenem-resistant *Enterobacteriaceae*, Carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*, Klebsiella pneumoniae, KPC-2

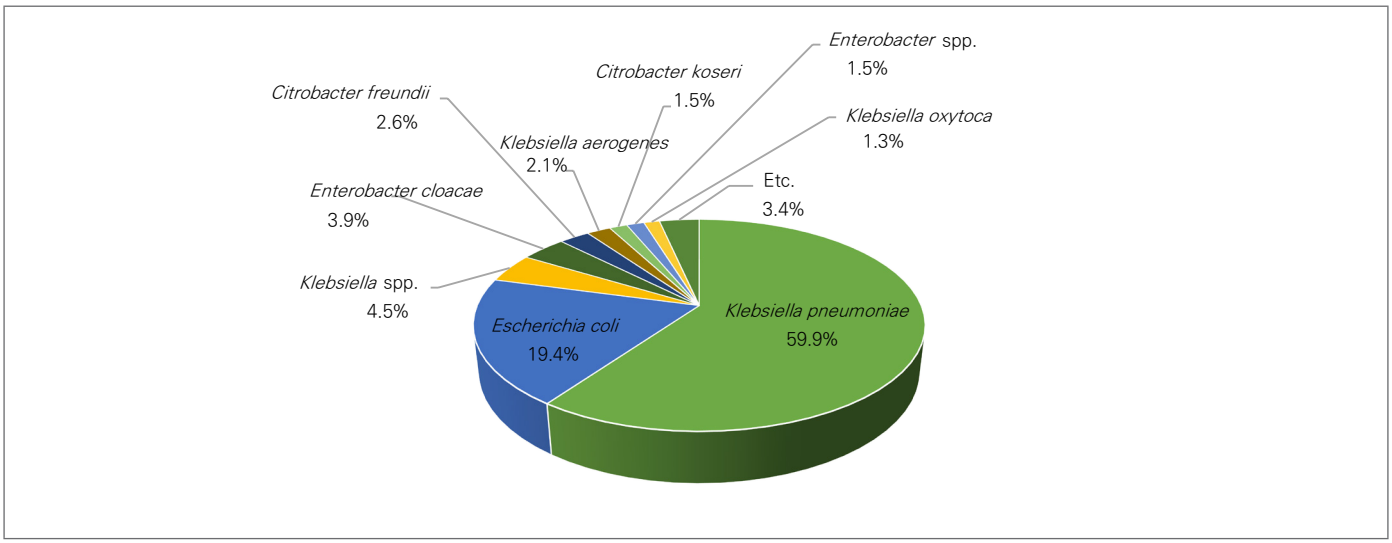


Figure 1. Distribution of carbapenem-resistant Enterobacteriacae (CRE) strains

Table 1. Status of carbapenemase distribution of carbapenem-resistant *Enterobacteriacae* (CRE) isolates in Korea, 2019

Genotype	No. of isolates	Genotype	No. of isolates	Genotype	No. of isolates
KPC-2	4,843	NDM-7	8	NDM-3	1
NDM-1	584	IMP-4	6	NDM-4	1
NDM-5	332	VIM-2, NDM-1	6	KPC-19	1
OXA-181, NDM-5	151	IMP-1	4	KPC-23	1
OXA-181	82	VIM-2	4	KPC-43	1
KPC-4	39	NDM-2	4	KPC-54	1
KPC-3	26	NDM-6	4	OXA-181, KPC-2	1
OXA-48	25	NDM-9	4	VIM-2, KPC-2	1
NDM-1, KPC-2	14	NDM type	3	VIM-2, NDM-5	1
GES-5	12	VIM-1	2	NDM-1,GES-1	1
OXA-232	9	OXA-181, NDM-1	2	KPC-2, GES-5	1
VIM-1, KPC-4	9	IMP-6	1	KPC-3, GES-5	1
NDM-5, KPC-2	9	OXA-244	1	Negative	2,137

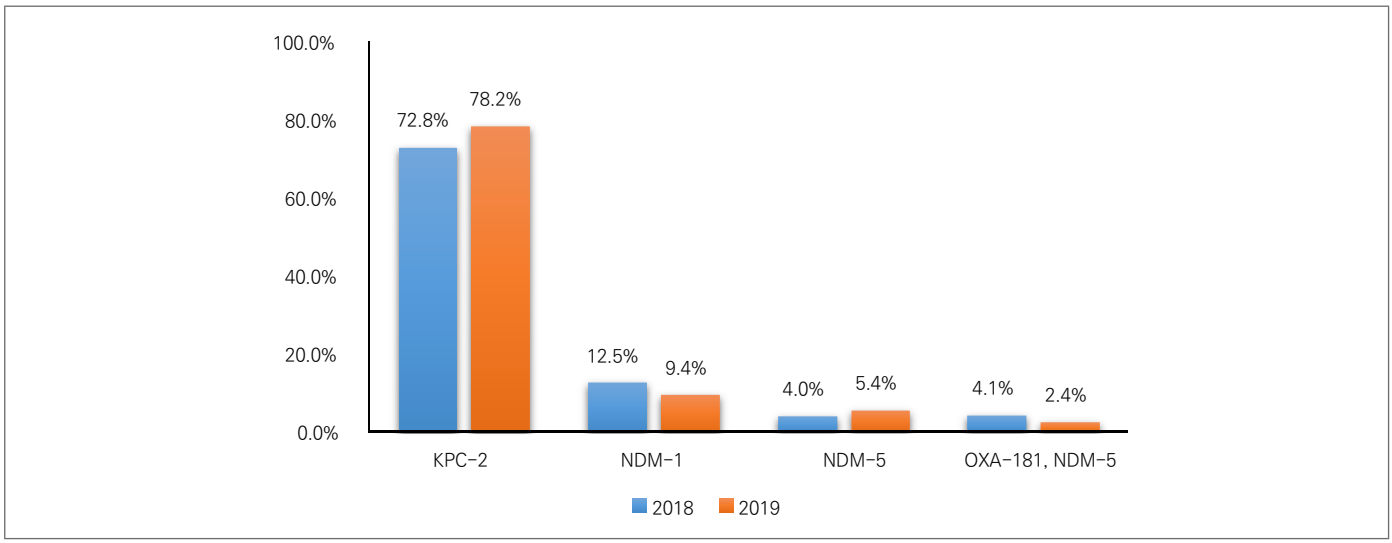


Figure 2. Major carbapenem-resistant Enterobacteriacae (CRE) genotype comparison

Table 2. Carbapenem resistant rate of isolated carbapenem-resistant *Enterobacteriacae* (CRE)

No. of isolated (%)

Antimicrobial	Minimum inhibitory concentration (㎍/㎖)									MIC_{50}	MIC_{90}
	≤0.25	0.5	1	2	4	8	16	32	〉32		
Imipenem		647 (7.9)	647 (7.9)	911 (11.1)	1,641 (19.9)	2,590 (31.4)	1087 (13.2)	362 (4.4)	355 (4.3)	≥8	≥16
Meropenem		613 (7.4)	675 (8.1)	1,210 (14.5)	2,092 (25.1)	1,737 (20.8)	938 (11.3)	569 (6.8)	499 (6.0)	≥4	≥32
Ertapenem	7 (0.1)	7 (0.1)	37 (0.4)	882 (10.6)	1,453 (17.4)	2,288 (27.5)	1642 (19.7)	1,236 (14.8)	781 (9.4)	≥8	≥32
Doripenem		858 (10.3)	1083 (13.0)	1,740 (20.9)	1,980 (23.8)	1,042 (12.5)	706 (8.5)	455 (5.5)	469 (5.6)	≥4	≥32

역학 · 관리보고서 3

MLST 유전형 분석에 따른 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균 현황, 2006~2019년

질병관리청 감염병진단분석국 세균분석과 **김소현, 김동혁, 전정훈, 황규잠***
경남권질병대응센터 진단분석과 **정상운**

*교신저자 : kyuhwang61@korea.kr, 043-719-8110

초 록

마이코플라스마 폐렴균은 상기도 및 하기도 감염증을 일으키는 병원체로 지역사회획득 폐렴의 약 20~40%를 유발한다. 마이코플라스마 폐렴균 감염증은 3~4년을 주기로 유행하는 양상을 보이며, 학동기 아동에게서 주로 유행하고 있다. 또한, 마크로라이드계열 항생제 내성관련 유전자 변이를 가지는 균주의 비율이 증가하고 있어 공중보건학적인 문제를 야기하고 있다.

본 원고에서는 2006년부터 2019년까지 급성호흡기감시사업으로 수집한 검체에서 분리된 국내 마이코플라스마 폐렴균 127주를 대상으로 마이코플라스마 폐렴균 감염증 유행 양상 및 항생제 내성과 분자역학적 연관성을 확인하기 위하여 multilocus sequence typing(MLST) 분석법을 사용하여 결과를 확인하였다. 분석 균주의 연령별 분포는 0~9세 연령층(76주, 59.8%)과 10~19세 연령층(22주, 17.3%)에서 가장 높은 비율로 확인되었다.

국내 분리주의 주요 sequence type(ST)은 ST3(53.5%)와 ST14(31.5%)로 확인되었고, 다음으로 ST2, ST7, ST20, ST33 유형들이 각각 6.3%, 2.4%, 3.1%, 2.4% 순서로 분포하였다. 특히, 2018년에는 기존에 보고되지 않은 새로운 유형(NT)이 확인되었고 2019년에 ST33 유형이 처음 확인되기도 하였다. 항생제 내성과 MLST ST 유형과의 연관성을 확인하기 위하여 마크로라이드계열 항생제 내성 유전자 변이(23S domain V, A2063G)가 확인된 균주 27주(21.3%)에 대해 ST 유형을 비교한 결과, ST3(18주, 66.7%), ST14(3주, 11.1%), ST20(3주, 11.1%), ST7(1주, 3.7%), ST33(1주, 3.7%), NT(1주, 3.7%) 유형의 빈도로 확인되었다. 이번 결과를 통해 국내 마이코플라스마 폐렴균의 ST유형 및 유전형 분포가 변화되고 있는 것을 확인할 수 있었다.

따라서 국내 마이코플라스마 폐렴균 감염증의 유행 양상과 균의 변이 추세를 확인하고 관리하기 위해서는 지속적인 호흡기감염증(마이코플라스마 폐렴균감염증)감시가 요구되고, 마크로라이드계열 외 항생제 내성 및 새로운 유형(NT)이 확인된 균주에 대한 추가적인 특성 분석을 통해 축적된 분자역학적 DB 환류가 필요할 것으로 사료된다.

주요 검색어 : 마이코플라스마 폐렴균, MLST, 유전형, 마크로라이드, 항생제내성 유전자변이, NGS

들어가는 말

마이코플라스마 폐렴균은 밀접접촉 시, 비말감염에 의해 지역사회 내로 전파되는 비정형폐렴의 흔한 원인균으로 전 연령층에서 발견되며, 특히 5세~14세 학동기(소아청소년기) 연령층에서 주로 유행하는 것으로 알려져 있다[1]. 마이코플라스마 폐렴균은 지역사회획득 폐렴 원인균 중 4~8% 비중을 차지하는데, 대규모 유행시기에는 20~40%가 이 균에 의해 유발되는 것으로 보고되기도 한다[2,3].

마이코플라스마 폐렴균 감염증은 3~4년 주기로 유행하는 특성을 가지고 있으며, 어린이집, 학교 등 집단시설에서 집단발생의 가능성이 높다. 또한, 2000년 이후 마이코플라스마 폐렴균 감염증의 1차 선택 항생제인 마크로라이드계열 항생제에 대해 내성을 나타내는 균주가 증가하고 있다. 마이코플라스마

폐렴균의 분자역학적 특성 분석은 유행균주의 유형, 내성균주의 출현감시 및 질병의 유행양상을 파악할 수 있어 중요하다. 이러한 마이코플라스마 폐렴균의 유형 분석을 위해서는 PCR-restriction length polymorphism(PCR-RFLP)법, multilocus variable-number tandem-repeat analysis(MLVA), multilocus sequence typing(MLST) 등이 활용되고 있다[4-6].

본 글에서는 MLST기법을 이용하여 2006년부터 2019년까지 급성호흡기감시사업을 통해 수집된 인후염 및 지역사회획득 폐렴 환자에서 분리된 균주를 대상으로 국내에서 유행한 마이코플라스마 폐렴균의 유전형 파악 및 결과공유를 하고자 하였다.

몸 말

급성호흡기감시사업(2006년~2019년)을 통해 수집된 호흡기 검체에서 분리된 마이코플라스마 폐렴균 균주 127주를 대상으로 MLST 분석을 실시하였다. 균주의 연령별 분포는 0~9세 연령층에서 분리된 균주가 76주(59.8%)로 가장 많았고, 다음으로 10~19세(22주, 17.3%), 20~29세(7주, 5.5%), 30~39세(6주, 4.7%), 40~49세(9주, 7.1%), 50~59세(2주, 1.6%), 60~69세(1, 0.8%), 70세 이상(2주, 1.6%), 모름(2주, 1.6%) 순으로 분포하였다(그림 1). MLST는 8종의 housekeeping gene인 adk, arcC, atpA, glyA, gmk, gyrB, pgm, ppa 유전자를 대상으로 각 유전자별 PCR primer와 반응조건에 따라 표적 영역을 증폭한 후, 염기서열을 분석하였다. 균주별 allele type profile은 MLST database(http://pubmlst.org/mpneumoniae)를 활용해 sequence type(ST)을 분석하였다.

현재까지 global MLST 유형 및 유전형 조합은 총 40개 유형이 알려져 있다. 본 결과에서 확인된 마이코플라스마 폐렴균의 MLST 유형은 ST2, ST3, ST7, ST14, ST20, ST33, 새로운 유형(new type, NT) 등 7개 유형으로 확인되었다.

분리주의 유형을 확인한 결과, ST3 형과 ST14 형이 각각 53.5%(68주), 31.5%(40주)를 차지하여 주요 유형인 것으로 확인되었고, ST2(8주, 6.3%), ST20(4주, 3.1%), ST7(3주, 2.4%), ST33(3주, 2.4%)의 순으로 나타났다. 또한 기존에 global MLST 유형에 속하지 않는 새로운 유형(NT)이 1주(0.8%) 확인되었다(그림 2).

ST3와 ST14 유형은 2006년부터 지속적으로 확인되는 유형이고, ST2, ST7은 2006년~2008년, 2019년 일시적으로 확인된 유형이었다. 그리고 ST20과 ST33 유형은 2018년과 2019년에 국내에서 처음 확인된 유형이었다(그림 3).

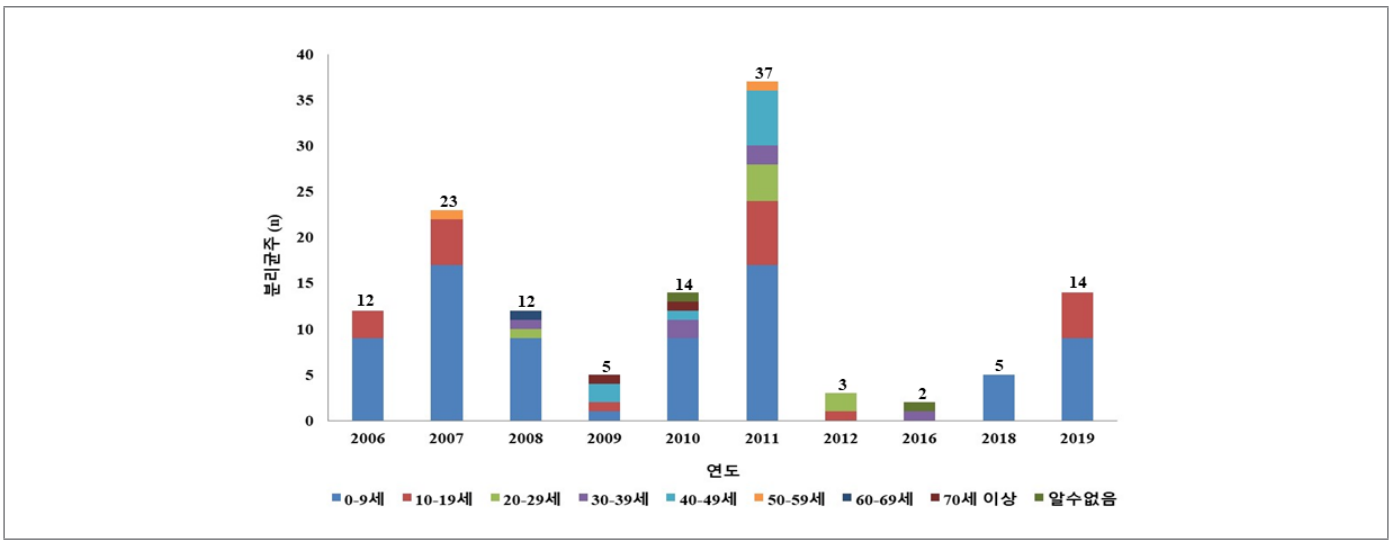


그림 1. 연도별 국내 마이코플라스마 폐렴균 분리주 현황, 2006~2019년

*2013~2015년, 2017년: 분리균주 없음

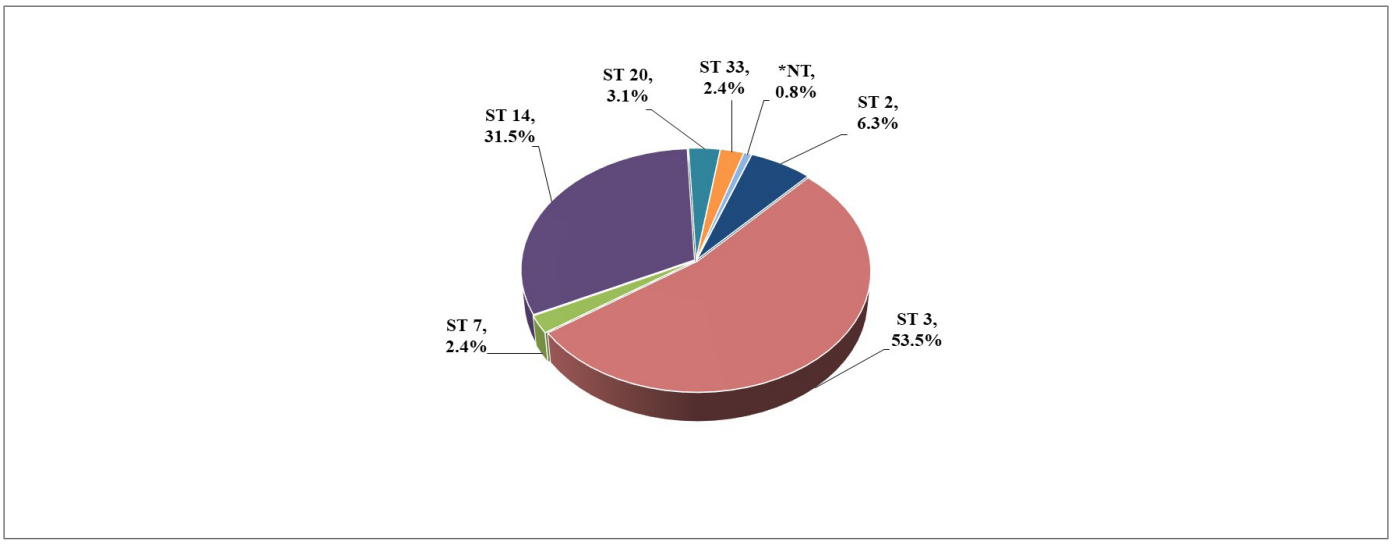


그림 2. 국내 마이코플라스마 폐렴균 분리주 MLST 유형별 분포현황, 2006~2019년

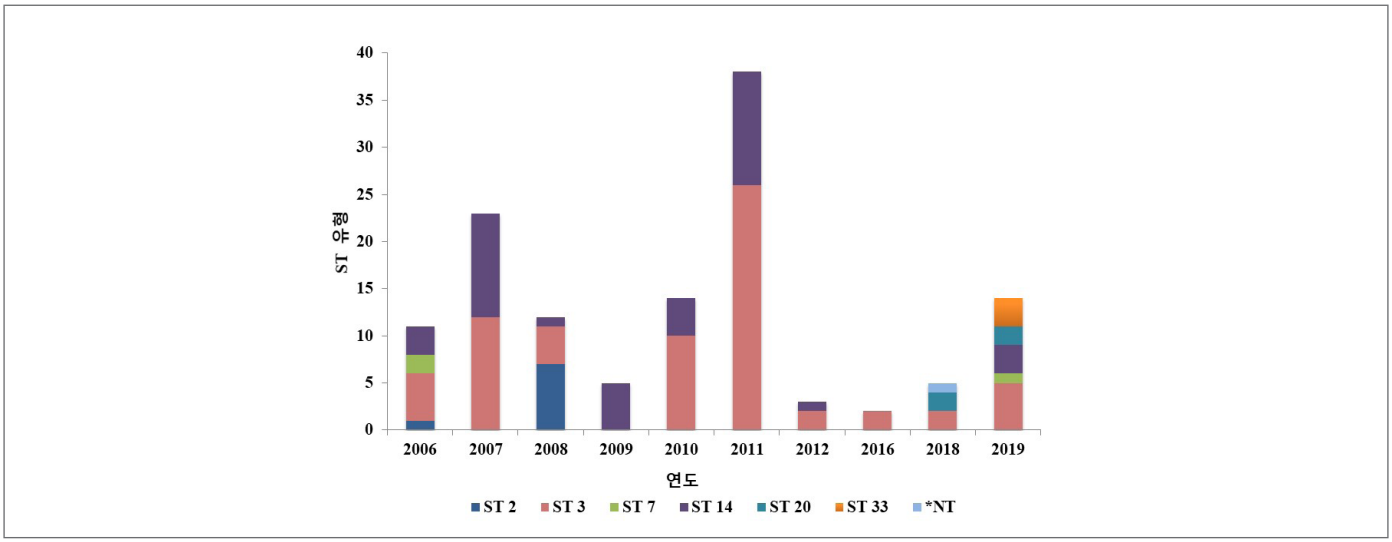


그림 3. 연도별 국내 마이코플라스마폐렴균 분리주의 MLST 유형, 2006~2019년

마크로라이드계열 항생제 내성 유전형 변이는 내성과 관련이 있는 것으로 알려진 23S 리보솜 리보핵산(rRNA) V영역 유전자를 대상으로 염기서열분석을 통해 유전자 2063과 2064 위치에 각각 아데닌(Adenine, A)에서 구아닌(Guanine, G)으로 치환되는 점돌연변이를 확인하는 방법으로 분석하였다. 항생제 내성 유전형 변이(23S domain V, A2063G)가 확인된 균주와 MLST ST 유형과의 연관성을 확인하고자 비교해본 결과, 총 27주 중 18주(66.7%)에서 ST3 유형이 확인되었고, ST14(3주, 11.1%), ST20(3주, 11.1%), ST7(1주, 3.7%), ST33(1주, 3.7%), N21(1주, 3.7%) 순으로 확인되었다(그림 4). 일부 연구에서 마크로라이드계열 항생제 내성형과 감수성 균주간의 MLST 유형을 비교한 결과, 내성형 균주에서는 ST3(74.6%), ST19(11.4%), ST14(4.9%) 형 순으로 확인되었고, 감수성 균주에서는 ST3(52.6%), ST14(28.4%), ST7(6.9%) 형 순으로 확인되어 내성형 균주에서 ST3 유형이 높은 빈도로 나타나는 것을 확인하였다[7]. 국내 분리주에서도 항생제 내성 유전자 변이가 확인된 균주는 ST3 유형의 빈도가 높은 것을 확인할 수 있었다.

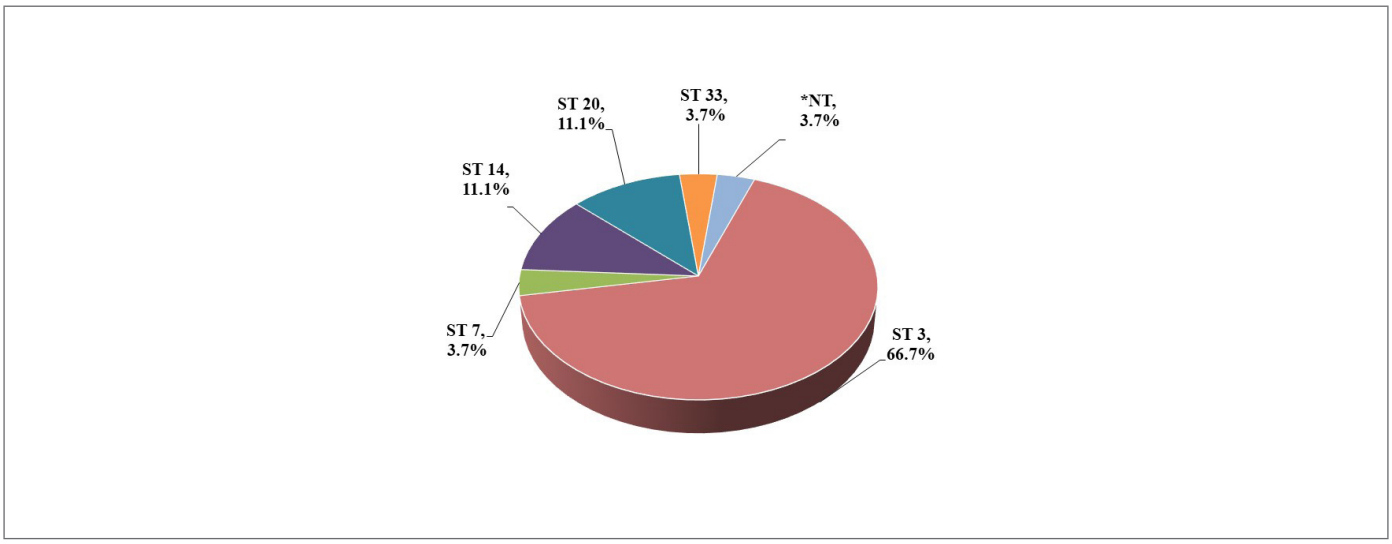


그림 4. 마크로라이드계열 항생제 내성(23S domain V, A2063G) 유전자변이 균주의 MLST 유형별 분포

맺는 말

마이코플라스마 폐렴균에 의한 호흡기 질환은 전 연령층에서 발병 가능한 상기도 및 하기도 감염증의 원인균 중 하나이다. 특히 소아 연령층에서 주기적으로 유행하며 어린이집, 학교, 요양원 등 집단시설에서 대규모 발생의 가능성이 존재한다. 최근 1차 치료약제인 마크로라이드 계열 항생제 저항성을 나타내는 내성균주의 유행가능성이 높아 집단 발생 시 유행균주 특성 및 내성형 균주의 특성에 대한 자료 확보는 집단발병 및 유행가능성을 조기에 파악하는데 매우 효과적이다.

이에 질병관리청 세균분석과에서는 2006년부터 급성호흡기 감시망사업을 통해 수집된 호흡기 검체에서 분리된 마이코플라스마 폐렴균 분리주에 대한 특성을 지속적으로 분석하였다. 그 결과, 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균에 대한 분자역학 DB 구축을 위한 기초 자료를 확보할 수 있었다.

본 연구를 통해 국내 분리 마이코플라스마폐렴균의 MLST 유형 중 ST3과 ST14 형이 주된 유형으로 분포하고 있음을 확인하였고, ST2, ST7, ST20, ST33 유형도 확인할 수 있었다. 그리고 낮은 빈도지만 기존에 알려진 유전형과 다른 새로운 유형(NT)도 확인되었다. 2018년과 2019년 분리주에서 확인된 ST20, ST33 유형은 8종의 housekeeping 유전자 중 adk, gmk 2종의 유전자 allele type 종류가 다양하게 나타남을 확인하였다(자료 미제공). ST 유형뿐 아니라 각 유전자별로도 변화양상이 확인되어 국내 마이코플라스마 폐렴균의 유전형 분포가 변화되고 있는 것을 확인할 수 있었다.

따라서 국내 마이코플라스마 폐렴균 감염증의 유행 양상과 균의 변이 추세를 확인하고 관리하기 위해서는 지속적인 감시가 필요하고, 마크로라이드계열 외 추가 항생제 내성에 대한 분석과 NGS법 등 보다 변별력이 높은 유전형 분석법의 적용도 필요하다고 사료된다.

① 이전에 알려진 내용은?

마이코플라스마 폐렴균에 의한 호흡기 질환은 전 연령층에서 발병 가능한 상기도 및 하기도 감염증의 원인 균 중 하나로 학동기 연령층에서 주기적으로 유행하며 집단 발생의 가능성이 높다. 최근 국내외 마크로라이드계열 항생제 저항성을 나타내는 내성균주의 유행 가능성이 높다.

② 새로이 알게 된 내용은?

급성호흡기 감시사업을 통해 분리된 마이코플라스마 폐렴균주의 MLST 분자유전학적 분석 결과, 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균의 ST 유형은 총 7개(ST2, ST3, ST7, ST14, ST20, ST33, new type)유형으로 확인되었고, ST3(53.5%)와 ST14(31.5%)유형이 주요 분포 유형인 것으로 확인되었다.

③ 시사점은?

급성호흡기감시망 구축을 통해 확보된 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균의 분자유전학적 유형 분석을 통해 주요 유전형 종류 및 분포양상 등을 확인할 수 있었고, 향후 항생제 감수성 시험 및 NGS 등 추가적인 분석을 통해 마이코플라스마 폐렴균주 유행과 변이 추세를 예측하고 관리하는데 유용한 기초 자료로 사용될 수 있을 것이다. 그러므로 마이코플라스마폐렴균 감염증의 유행과 균 변이 양상을 확인하고 관리하기 위해 지속적인 마이코플라스마 폐렴균에 대한 감시가 필요하다.

참고문헌

1. Waites, K.B. and Talkington, D.F. *Mycoplasma pneumoniae* and its role as a human pathogen. Clin. Microbiol. Rev. 2004;17(4):697–729.
2. Jacobs E, Ehrhardt I, Dymke R. New insights in the outbreak pattern of *Mycoplasma pneumoniae*. Int J Med Microbiol. 2015;305:705–708.
3. Loens K, Goossens H, Leven M. Acute respiratory infection due to *Mycoplasma pneumonae*: current status of diagnostic methods. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2010;29:1055–1069.
4. Brown RJ, Holden MTG, Spiller OB, Chalker VJ. Development of a multilocus sequence typing scheme for molecular typing of *Mycoplasma pneumonae*. J Clin Microbiol. 2015:53:3195–203.
5. Degrange S, Cazanave C, Charron A, Renaudin H, Bebear C, *et al*. Development of multiple –locus variable–number tandem–repeat analysis for molecular typing of *Mycoplasma penumoniae*. J. Clin. Microbiol. 2009;47:914–923.
6. Cousin–Allery A, Charron A, De Barbeyrac B *et al*. Molecular typing of *Mycoplasma pneumoniae* strains by PCR–based methods and pulse–field gel electrophoresis. Application to French and Danish isolates. Epidemiol. Infect. 2000;124(1):103–111.
7. Mariko Ando, Miyuki Morozumi, Yoko Adachi, Kimiko Ubukata, Satoshi Iwata. Multilocus Sequence Typing of *Mycoplasma pneumoniae*, Japan, 2002–2016. Emerging Infectious Diseases. 2018;24(10):1898–1901

Abstract

Multilocus sequence typing analysis of *Mycoplasma pneumoniae* strains isolates in Korea, 2006-2019

Kim Sohyeon, Kim Donghyeok, Chun Jeong-Hoon, Hwang Kyujam
Division of Bacterial Diseases, Bureau of Infectious Disease Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)
Jung Sang oun
Gyeongnam Regional Center for Disease Control and Prevention, RCDC

It is generally accepted that *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) induces both upper and lower respiratory infections and is responsible for about 20-40% of community-acquired pneumonia. *M. pneumoniae* infection occurs endemically, with epidemic peaks every three to four years, mostly in children over five years of age. Recent studies indicated that a critical issue is the emergence of antibiotic resistant strains and an increase in the ratio of distribution strains. Therefore, this study hypothesized that a genotype analysis of strains would be useful to determine and monitor the cause and the epidemic patterns of an outbreak.

Multilocus sequence typing (MLST) is routinely performed for strain differentiation in many genera of bacteria, and is useful for strain differentiation of *M. pneumoniae*. This article determined that MLST method was used to confirm the molecular epidemiologic relationship between epidemic patterns and antibiotic resistance in 127 *M. pneumoniae* strains isolated in Korea from 2006 to 2019. This study found that the age distribution of the strains was highest among children aged 0 to 9 years (59.8%, 76 cases) and 10 to 19 years (17.3%, 22 cases).

The major MLST genotypes detected in the housekeeping genes were ST3 (53.5%), ST14 (31.5%) and 4 minor genotypes were also detected (ST2, ST7, ST20, ST33). Moreover, a new sequence type(ST) was observed in 2018 as 0.8% of frequency and ST33 was also observed in 2019 as 2.4% of frequency. According to this article's comparison of the STs of *M. pneumoniae* strains identified with macrolide-resistance gene mutation (23S domain V, A2063G), the frequency of ST3 (18, 66.7%), ST14 (3, 11.1%), ST20 (3, 11.1%), ST7 (1, 3.7%), ST33 (1, 3.7%), and NT(1, 3.7%) was confirmed. This study confirmed that the distribution of STs and the genotype of *M. pneumoniae* in Korea are changing.

Therefore, continuous respiratory infection monitoring is necessary to predict and control the prevalence and strains characteristics of *M. pneumoniae* in Korea. This study further recommended the use of antibiotic sensitivity tests and additional characterization analyses of strains and new ST type identification methods.

Keywords: *Mycoplasma pneumoniae*, MLST, Genotype, Macrolide, Antibiotic resistance gene mutation, NGS

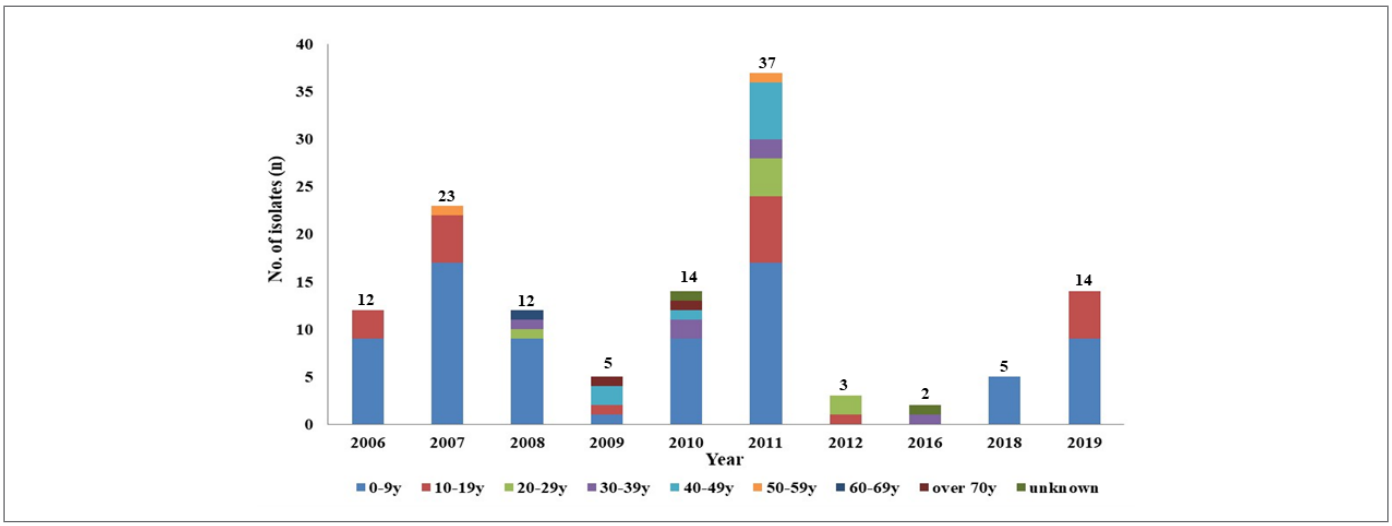


Figure 1. Annual incidences of *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) isolates between 2006–2019

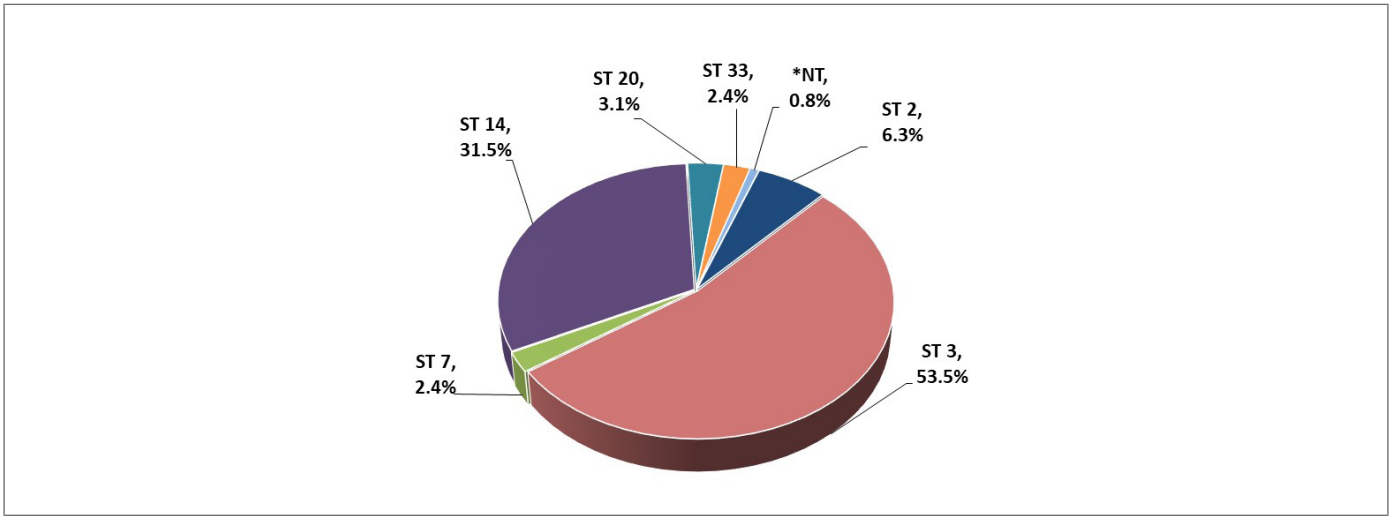


Figure 2. Distribution of multilocus sequence typing (MLST) sequence types (STs) for *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) isolates between 2006–2019

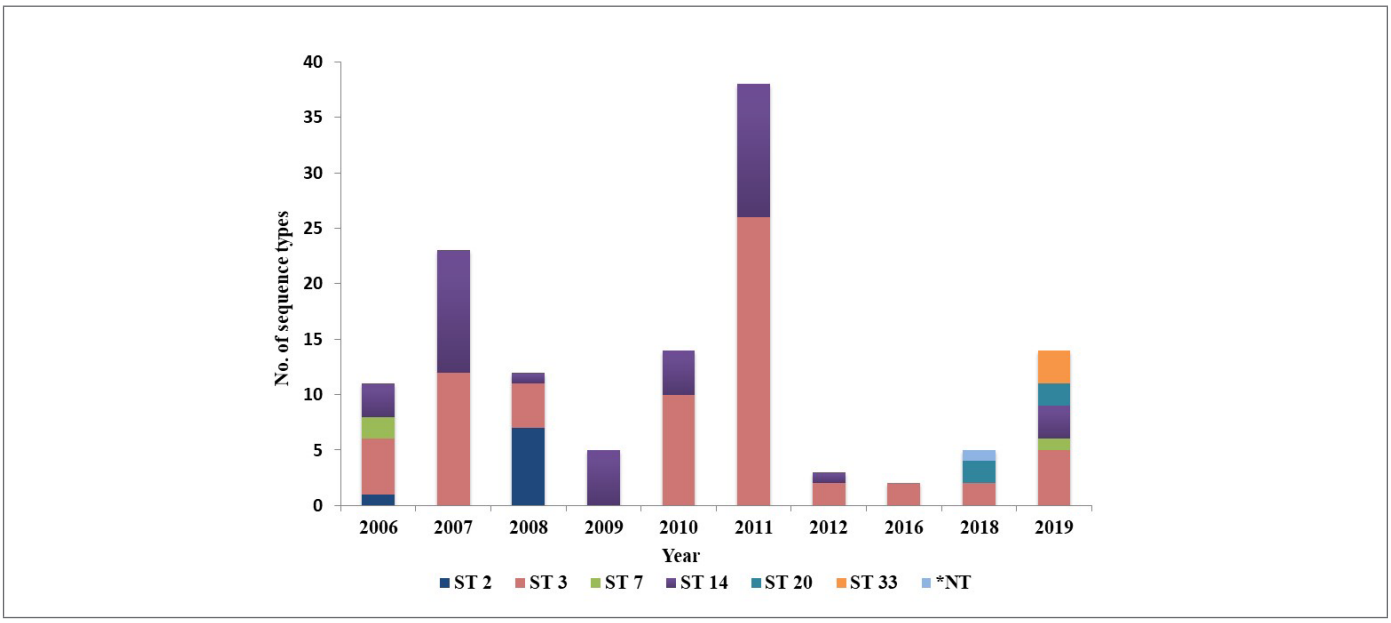


Figure 3. Sequence types (STs) of housekeeping genes in clinical isolates, 2006–2019

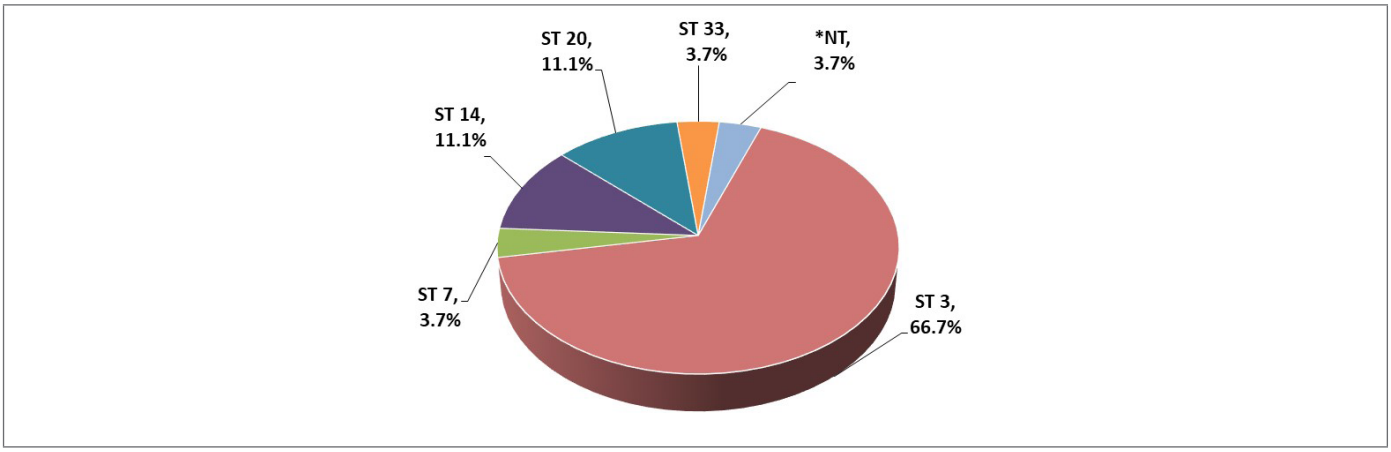


Figure 4. Distribution of multilocus sequence typing (MLST) sequence types (STs) for *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) for Macrolide resistance (23S domain V, A2063G) *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) isolates between 2006–2019

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (46주차)

표 1. 2020년 46주차 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)*

단위 : 보고환자수†

감염병†	금주	2020년 누계	5년간 주별 평균§	연간현황					금주 해외유입현황 : 국가명(신고수)
				2019	2018	2017	2016	2015	
제2급감염병									
결핵	458	17,870	534	23,821	26,433	28,161	30,892	32,181	
수두	388	29,371	1,933	82,868	96,467	80,092	54,060	46,330	
홍역	0	7	0	194	15	7	18	7	
콜레라	0	0	0	1	2	5	4	0	
장티푸스	1	74	1	94	213	128	121	121	
파라티푸스	2	97	1	55	47	73	56	44	
세균성이질	0	39	2	151	191	112	113	88	
장출혈성대장균감염증	3	315	2	146	121	138	104	71	
A형간염	57	3,247	60	17,598	2,437	4,419	4,679	1,804	
백일해	1	126	10	496	980	318	129	205	
유행성이하선염	184	9,263	351	15,967	19,237	16,924	17,057	23,448	
풍진	0	2	0	8	0	7	11	11	
수막구균 감염증	0	6	0	16	14	17	6	6	
폐렴구균 감염증	1	313	10	526	670	523	441	228	
한센병	0	3	0	4					
성홍열	9	2,268	238	7,562	15,777	22,838	11,911	7,002	
반코마이신내성황색 포도알균(VRSA) 감염증	0	9	–	3	0	0	–	–	
카바페넴내성장내세균 속균종(CRE) 감염증	270	14,709	–	15,369	11,954	5,717	–	–	
E형간염	5	134	–	–	–	–	–	–	
제3급감염병									
파상풍	2	27	0	31	31	34	24	22	
B형간염	5	312	7	389	392	391	359	155	
일본뇌염	0	6	1	34	17	9	28	40	
C형간염	136	10,288	195	9,810	10,811	6,396	–	–	
말라리아	2	371	2	559	576	515	673	699	
레지오넬라증	2	330	5	501	305	198	128	45	
비브리오패혈증	0	69	1	42	47	46	56	37	
발진열	2	27	1	14	16	18	18	15	
쯔쯔가무시증	654	2,564	1,073	4,005	6,668	10,528	11,105	9,513	
렙토스피라증	13	139	6	138	118	103	117	104	
브루셀라증	0	6	0	1	5	6	4	5	
신증후군출혈열	22	205	24	399	433	531	575	384	
후천성면역결핍증(AIDS)	20	691	25	1,005	989	1,008	1,060	1,018	
크로이츠펠트–야콥병(CJD)	0	66	1	53	53	36	42	33	
뎅기열	0	43	5	273	159	171	313	255	
큐열	0	67	2	162	163	96	81	27	
라임병	0	7	1	23	23	31	27	9	
유비저	0	1	0	8	2	2	4	4	
치쿤구니야열	0	1	0	16	3	5	10	2	
중증열성혈소판감소증후군(SFTS)	1	235	1	223	259	272	165	79	
지카바이러스감염증	0	0	–	3	3	11	16	–	

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계이며, 2020년 누계는 1주부터 금주까지의 누계를 말함
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
† 미포함 질병: 에볼라바이러스병, 마버그열, 라싸열, 크리미안콩고출혈열, 남아메리카출혈열, 리프트밸리열, 두창, 페스트, 탄저, 보툴리눔독소증, 야토병, 신종감염병증후군, 중증급성호흡기증후군(SARS), 중동호흡기증후군(MERS), 동물인플루엔자 인체감염증, 신종인플루엔자, 디프테리아, 폴리오, b형헤모필루스인플루엔자, 발진티푸스, 공수병, 황열, 웨스트나일열, 진드기매개뇌염
§ 최근 5년(2015~2019년)의 해당 주의 신고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 신고 건수(총 29주) 평균임

표 2. 지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	결핵			수두			홍역			콜레라		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡
전국	458	17,870	25,010	388	29,371	56,950	0	7	46	0	0	2
서울	81	3,111	4,596	40	3,549	6,643	0	2	7	0	0	0
부산	33	1,157	1,747	29	1,629	3,139	0	0	2	0	0	1
대구	11	868	1,182	11	1,435	2,986	0	0	3	0	0	0
인천	24	918	1,309	14	1,494	2,908	0	0	2	0	0	0
광주	10	447	614	9	1,274	1,917	0	0	0	0	0	0
대전	5	382	562	13	951	1,581	0	0	5	0	0	0
울산	11	336	512	6	620	1,703	0	0	1	0	0	0
세종	4	80	77	5	250	568	0	0	0	0	0	0
경기	121	3,858	5,364	133	7,740	15,991	0	3	15	0	0	0
강원	28	758	1,056	0	839	1,552	0	0	1	0	0	0
충북	9	554	769	16	1,091	1,463	0	0	0	0	0	0
충남	32	908	1,184	12	1,045	2,113	0	0	2	0	0	0
전북	13	742	963	21	1,152	2,422	0	0	1	0	0	0
전남	28	941	1,294	14	1,125	2,346	0	1	2	0	0	0
경북	25	1,344	1,814	15	1,589	3,022	0	0	3	0	0	0
경남	21	1,231	1,657	46	2,914	5,162	0	1	2	0	0	1
제주	2	235	311	4	674	1,434	0	0	0	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	장티푸스			파라티푸스			세균성이질			장출혈성대장균감염증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	1	74	125	2	97	51	0	39	112	3	315	107
서울	0	9	23	0	13	10	0	7	28	0	26	16
부산	0	8	10	0	25	6	0	5	7	1	9	3
대구	0	3	4	0	8	2	0	1	7	0	9	4
인천	0	5	7	0	5	2	0	2	9	0	10	9
광주	0	2	3	0	2	2	0	2	3	1	19	16
대전	0	2	6	0	1	2	0	0	2	1	8	2
울산	0	1	3	0	0	0	0	2	1	0	6	4
세종	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1
경기	0	22	28	0	15	10	0	8	21	0	145	20
강원	0	7	4	0	5	2	0	1	2	0	6	4
충북	0	1	4	0	1	2	0	0	3	0	4	4
충남	0	4	5	0	4	1	0	3	6	0	9	3
전북	1	2	2	0	0	3	0	0	2	0	2	2
전남	0	0	6	0	7	2	0	3	6	0	15	7
경북	0	2	5	0	3	2	0	1	6	0	19	4
경남	0	5	11	1	6	4	0	3	7	0	12	4
제주	0	1	3	1	2	1	0	1	2	0	14	4

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	A형간염			백일해			유행성이하선염			풍진		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	57	3,247	5,832	1	126	367	184	9,263	16,555	0	2	6
서울	7	635	1,087	0	16	48	15	1,165	1,689	0	0	2
부산	1	82	205	0	6	34	18	499	1,027	0	1	0
대구	0	69	90	0	5	11	9	384	581	0	0	0
인천	13	347	395	0	6	21	8	456	730	0	0	0
광주	4	68	98	0	10	18	7	303	921	0	0	0
대전	2	122	648	0	7	7	4	258	396	0	0	1
울산	0	33	40	0	2	10	11	271	559	0	0	0
세종	0	19	94	0	0	5	3	65	70	0	0	0
경기	0	1,033	1,761	1	22	58	57	2,729	4,226	0	1	1
강원	0	84	105	0	0	3	0	305	512	0	0	0
충북	10	125	285	0	0	8	8	277	358	0	0	0
충남	6	197	437	0	4	7	8	419	630	0	0	0
전북	6	184	224	0	3	8	9	405	1,039	0	0	0
전남	4	59	108	0	20	17	7	362	776	0	0	1
경북	3	95	107	0	9	24	7	457	833	0	0	1
경남	1	71	121	0	15	83	10	746	1,994	0	0	0
제주	0	24	27	0	1	5	3	162	214	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병						제3급감염병					
	수막구균 감염증			성홍열			파상풍			B형간염		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	6	11	9	2,268	11,253	2	27	26	5	312	292
서울	0	2	3	3	325	1,484	0	2	2	0	50	53
부산	0	0	1	2	132	789	0	2	2	1	18	20
대구	0	0	1	0	43	397	0	1	2	1	11	9
인천	0	1	1	0	116	527	0	0	1	0	18	15
광주	0	0	0	0	289	539	0	1	1	0	6	6
대전	0	0	0	0	85	423	0	0	1	0	12	10
울산	0	0	0	0	82	488	0	0	0	0	7	7
세종	0	0	0	0	12	60	0	1	0	0	2	0
경기	0	2	2	0	562	3,290	0	2	3	1	84	71
강원	0	0	1	0	50	174	0	1	1	0	11	9
충북	0	0	0	0	33	208	0	3	1	0	9	11
충남	0	0	0	0	72	503	0	6	1	0	13	16
전북	0	0	0	0	57	381	1	4	1	1	15	15
전남	0	0	0	0	99	432	0	2	4	1	17	14
경북	0	1	1	2	82	572	0	1	3	0	8	16
경남	0	0	1	1	169	857	1	1	3	0	28	17
제주	0	0	0	1	60	129	0	0	0	0	3	3

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	일본뇌염			말라리아			레지오넬라증			비브리오패혈증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	6	25	2	371	594	2	330	200	0	69	43
서울	0	0	8	0	55	84	0	90	59	0	11	6
부산	0	0	0	0	2	8	0	19	10	0	7	3
대구	0	0	2	0	3	7	0	9	7	0	0	1
인천	0	1	1	1	50	88	1	17	17	0	6	3
광주	0	0	1	0	5	4	0	13	2	0	1	1
대전	0	0	1	0	4	4	0	5	2	0	0	1
울산	0	0	0	0	3	4	0	2	3	0	1	1
세종	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
경기	0	4	5	0	213	337	0	76	47	0	10	9
강원	0	1	1	0	12	17	0	8	8	0	2	0
충북	0	0	1	0	4	6	0	15	8	0	0	1
충남	0	0	2	1	7	8	0	6	6	0	9	2
전북	0	0	0	0	4	4	0	12	4	0	2	2
전남	0	0	1	0	1	4	0	14	5	0	10	5
경북	0	0	1	0	3	7	0	13	13	0	2	2
경남	0	0	1	0	4	8	1	12	6	0	7	5
제주	0	0	0	0	0	3	0	18	3	0	1	1

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	발진열			쯔쯔가무시증			렙토스피라증			브루셀라증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	2	27	13	654	2,564	6,501	13	139	97	0	6	2
서울	0	2	1	5	29	196	0	9	5	0	1	1
부산	0	1	1	54	180	385	1	7	5	0	0	0
대구	0	1	0	21	74	130	0	1	1	0	0	0
인천	1	12	1	8	27	67	0	1	2	0	0	0
광주	0	0	2	9	72	198	0	3	3	0	0	0
대전	0	0	0	28	89	201	5	17	2	0	0	0
울산	1	3	1	49	135	287	0	0	2	0	0	1
세종	0	0	0	7	23	41	1	4	0	0	0	0
경기	0	5	2	0	50	552	0	11	16	0	0	0
강원	0	1	0	0	13	59	0	5	5	0	0	0
충북	0	0	0	12	49	170	3	20	4	0	0	0
충남	0	1	1	59	276	757	1	15	13	0	0	0
전북	0	0	1	63	277	730	1	9	5	0	3	0
전남	0	0	2	97	478	1,053	0	14	13	0	2	0
경북	0	1	0	46	161	435	1	13	9	0	0	0
경남	0	0	1	190	604	1,185	0	10	11	0	0	0
제주	0	0	0	6	27	55	0	0	1	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	신증후군출혈열			크로이츠펠트-야콥병(CJD)			뎅기열			큐열		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†	금주	2020년 누계	5년 누계 평균†
전국	22	205	360	0	66	41	0	43	209	0	67	93
서울	1	5	14	0	14	9	0	14	66	0	1	6
부산	1	4	12	0	8	3	0	5	11	0	1	1
대구	1	4	3	0	5	2	0	2	11	0	0	2
인천	0	2	6	0	3	2	0	2	11	0	3	2
광주	1	2	6	0	2	0	0	0	2	0	2	4
대전	1	2	4	0	1	1	0	0	4	0	3	3
울산	0	0	2	0	3	1	0	1	4	0	0	2
세종	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
경기	0	27	72	0	16	10	0	13	59	0	12	12
강원	0	15	12	0	1	2	0	0	4	0	0	0
충북	0	7	19	0	1	1	0	0	3	0	9	21
충남	4	19	50	0	1	1	0	2	6	0	10	12
전북	1	34	38	0	3	2	0	0	5	0	6	5
전남	6	40	60	0	1	1	0	1	4	0	14	11
경북	0	20	34	0	2	3	0	1	6	0	1	5
경남	6	21	26	0	5	3	0	1	10	0	5	7
제주	0	3	1	0	0	0	0	1	2	0	0	0

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2020. 11. 14. 기준)(46주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병								
	라임병			중증열성혈소판감소증후군(SFTS)			지카바이러스감염증		
	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2020년 누계	5년 누계 평균‡
전국	0	7	19	1	235	200	0	0	–
서울	0	3	7	0	10	10	0	0	–
부산	0	0	1	0	0	2	0	0	–
대구	0	0	0	0	25	5	0	0	–
인천	0	0	2	0	3	3	0	0	–
광주	0	0	0	0	2	1	0	0	–
대전	0	0	1	0	3	3	0	0	–
울산	0	0	0	0	7	4	0	0	–
세종	0	0	0	0	2	1	0	0	–
경기	0	0	4	0	33	36	0	0	–
강원	0	3	0	0	29	30	0	0	–
충북	0	0	0	0	3	8	0	0	–
충남	0	1	1	0	20	18	0	0	–
전북	0	0	1	0	11	9	0	0	–
전남	0	0	0	0	8	14	0	0	–
경북	0	0	1	0	32	27	0	0	–
경남	0	0	1	1	34	17	0	0	–
제주	0	0	0	0	13	12	0	0	–

* 2020년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2015~2019년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (46주차)

1. 인플루엔자 주간 발생 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 3.3명으로 지난주(3.1명) 대비 증가

※ 2020-2021절기 유행기준은 5.8명(/1,000)

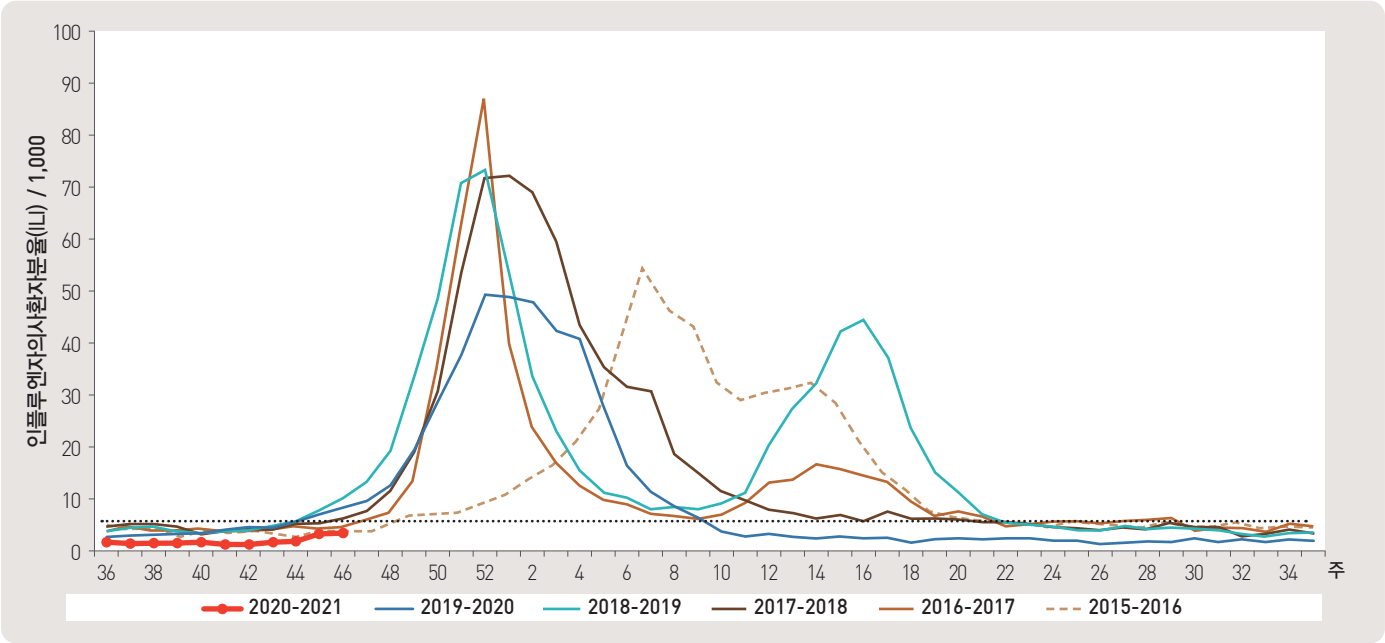


그림 1. 외래 환자 1,000명당 인플루엔자 의사환자 발생 현황

2. 수족구 발생 주간 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주차 수족구병 표본감시(전국 97개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 0.3명으로 전주 0.3명 대비 동일

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

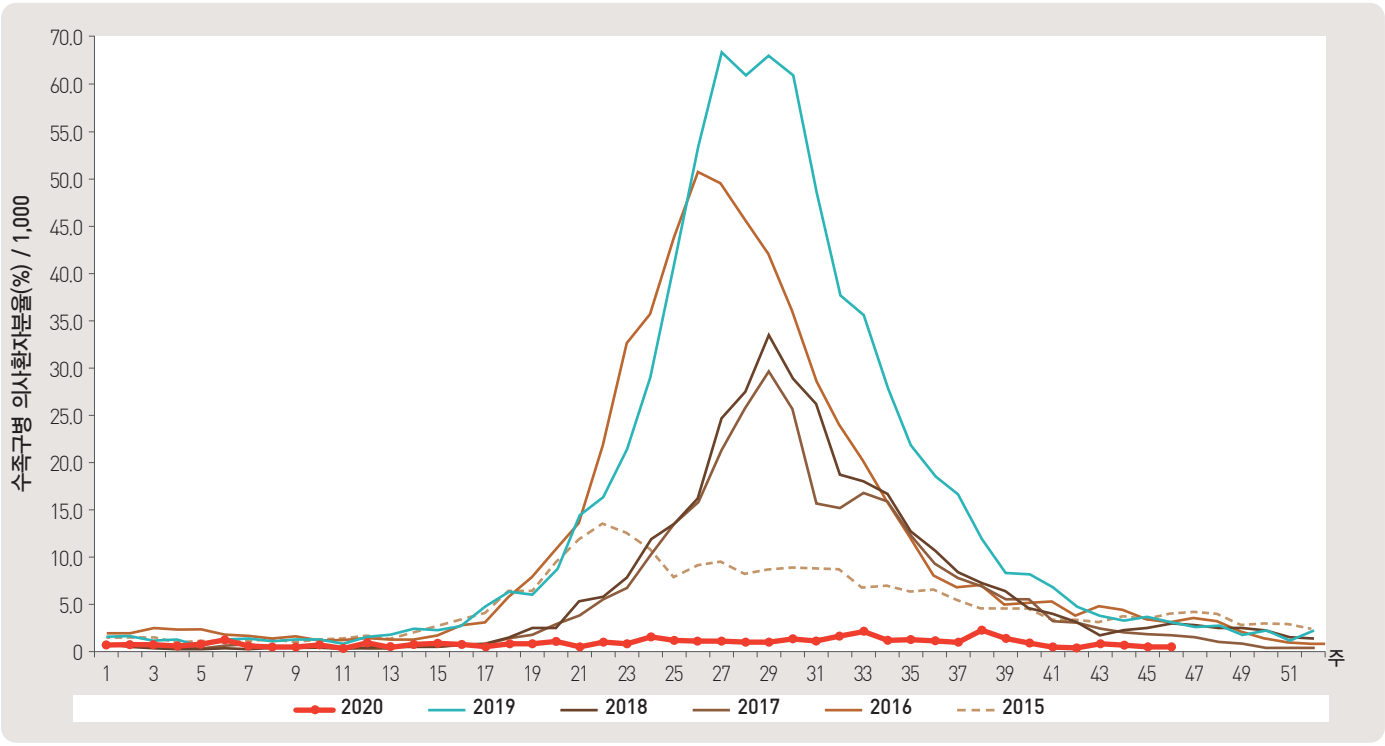


그림 2. 외래 환자 1,000명당 수족구 발생 현황

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지

3. 안과 감염병 주간 발생 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주차 유행성각결막염 표본감시(전국 90개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 4.2명으로 전주 4.3명 대비 감소
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.5명으로 전주 0.4명 대비 증가

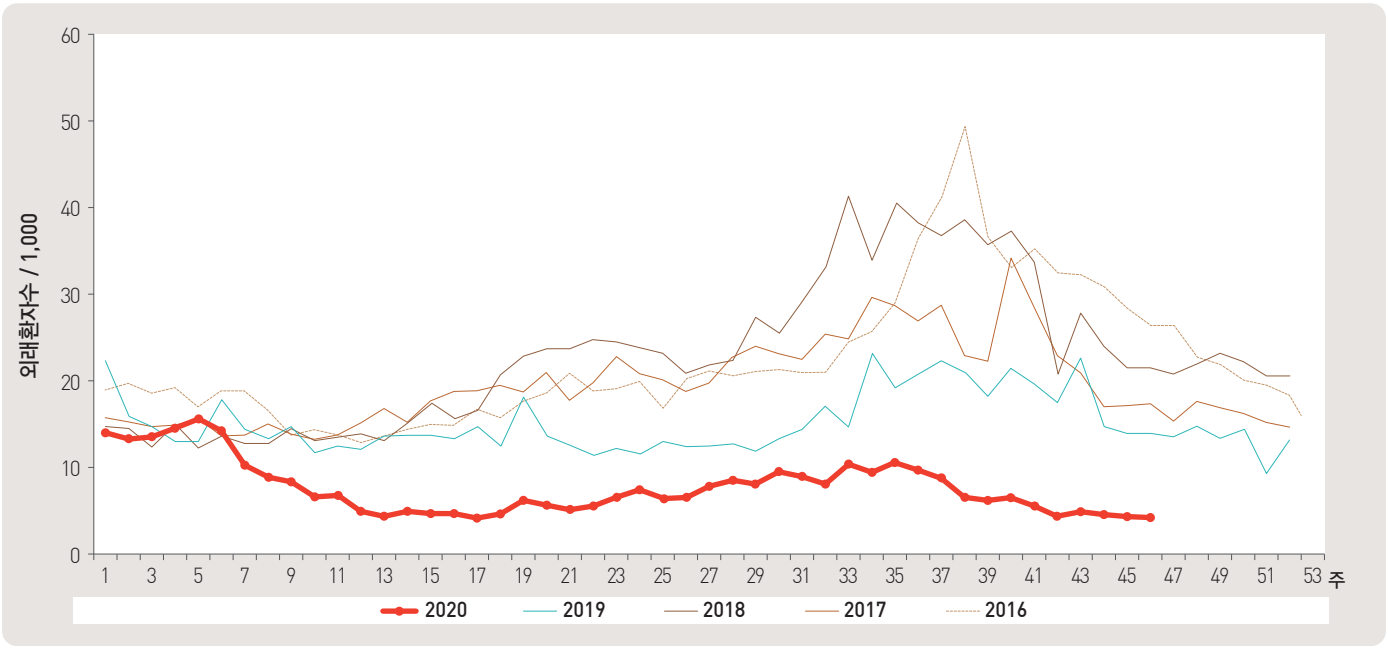


그림 3. 외래 환자 1,000명당 유행성각결막염 발생 현황

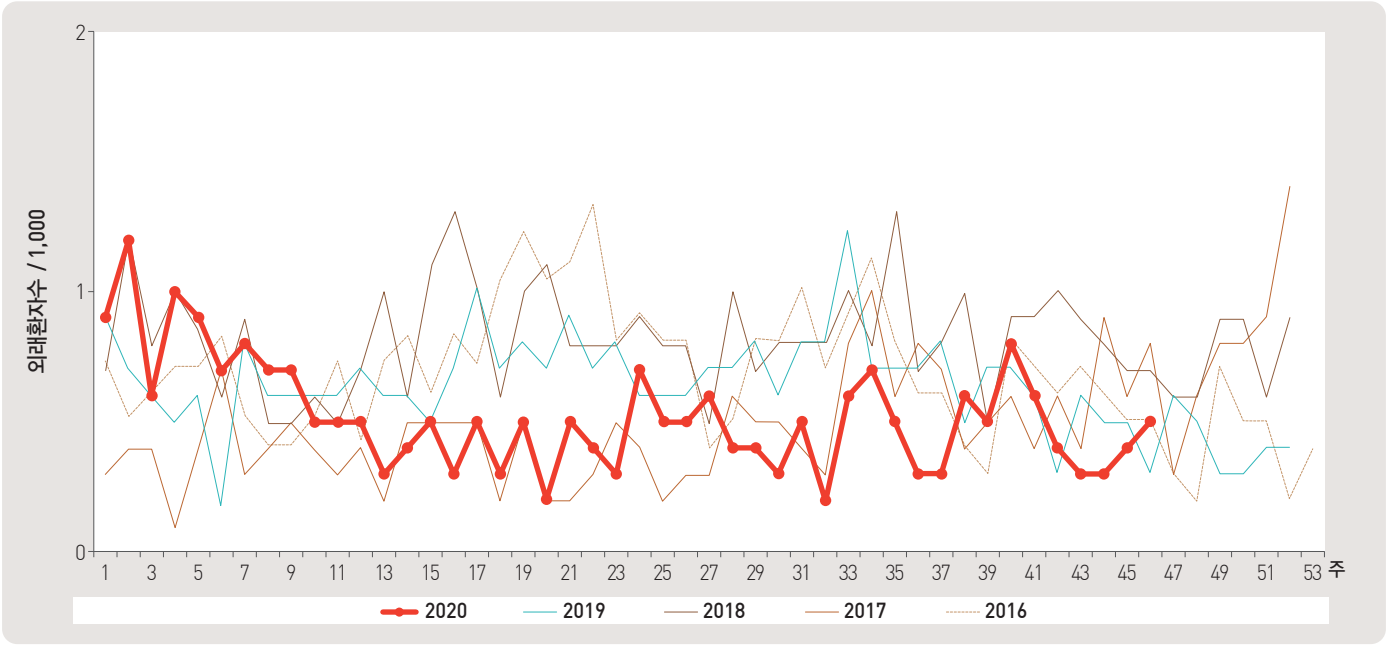


그림 4. 외래 환자 1,000명당 급성출혈성결막염 발생 현황

4. 성매개감염병 주간 발생 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 590개 참여)에서 신고기관 당 사람유두종바이러스 감염증 2.9건, 성기단순포진 2.2건, 클라미디아감염증 1.8건, 첨규콘딜롬 1.5건, 임질 1.3건, 1기 매독 1.0건, 2기 매독 0.0건, 선천성 매독 0.0건을 신고함

* 제46주차 신고의료기관 수 : 임질 20개, 클라미디아감염증 39개, 성기단순포진 41개, 첨규콘딜롬 20개, 사람유두종바이러스 감염증 26개, 1기 매독 1개, 2기 매독 0개, 선천성 매독 0개
** 2020.1.1. 일부터 사람유두종바이러스 감염증이 표본감시에 신설되었으며, 매독이 전수감시에서 표본감시로 변경됨

단위 : 신고수/신고기관 수

임질			클라미디아 감염증			성기단순포진			첨규콘딜롬		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§
1.3	7.8	9.1	1.8	26.2	28.8	2.2	39.1	36.9	1.5	22.3	21.1

사람유두종바이러스감염증			매독								
			1기			2기			선천성		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균§
2.9	72.7	72.7	1.0	2.3	2.3	0.0	2.8	2.8	0.0	1.0	1.0

누계 : 매년 첫 주부터 금주까지의 보고 누계
† 각 질병별로 규정된 신고 범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고 건을 포함
§ 최근 5년 누적 평균(Cum. 5-year average) : 최근 5년 5주차부터 금주까지 누적 환자 수 평균

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (46주차)

▣ 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주에 집단발생이 6건(사례수 106명)이 발생하였으며 누적발생건수는 201건(사례수 2,604명)이 발생함.

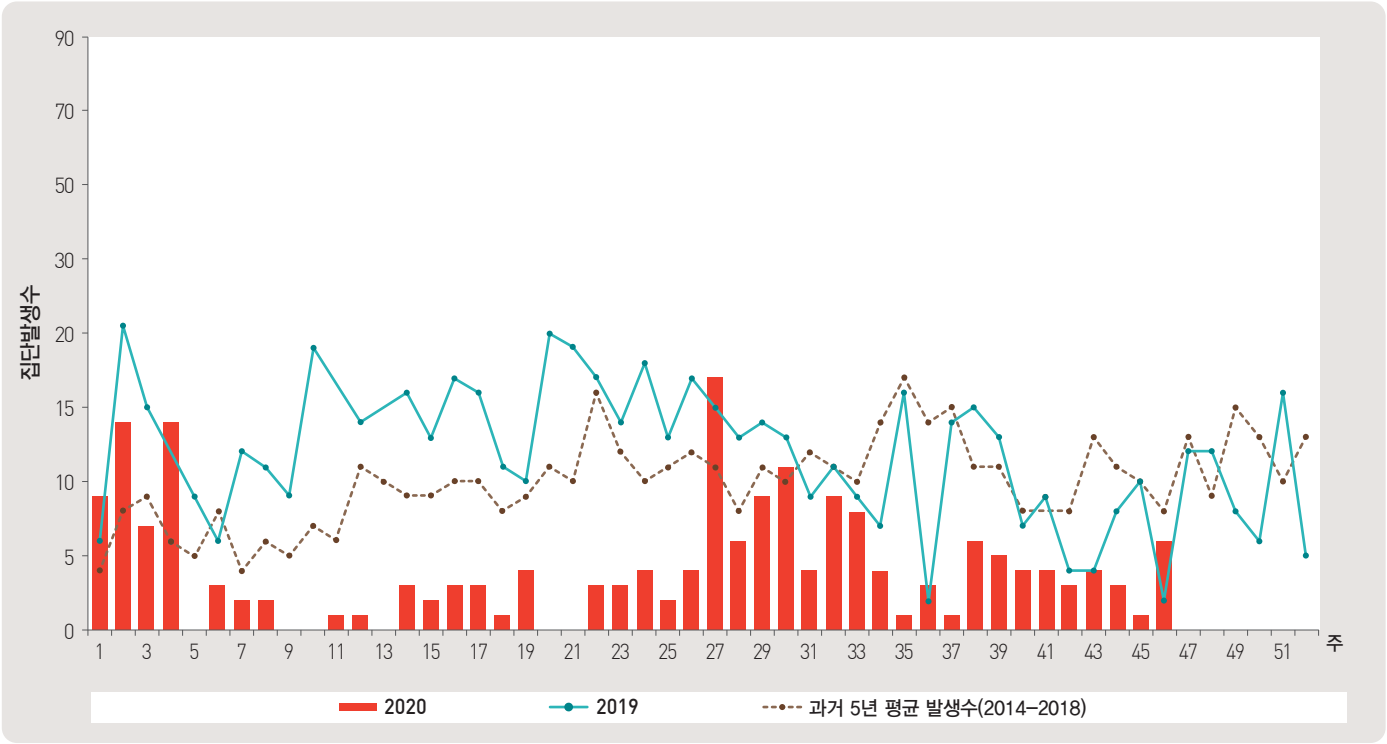


그림 5. 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 현황

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황(46주차)

1. 인플루엔자 바이러스 주간 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주에 전국 52개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 117건 중 양성 없음.

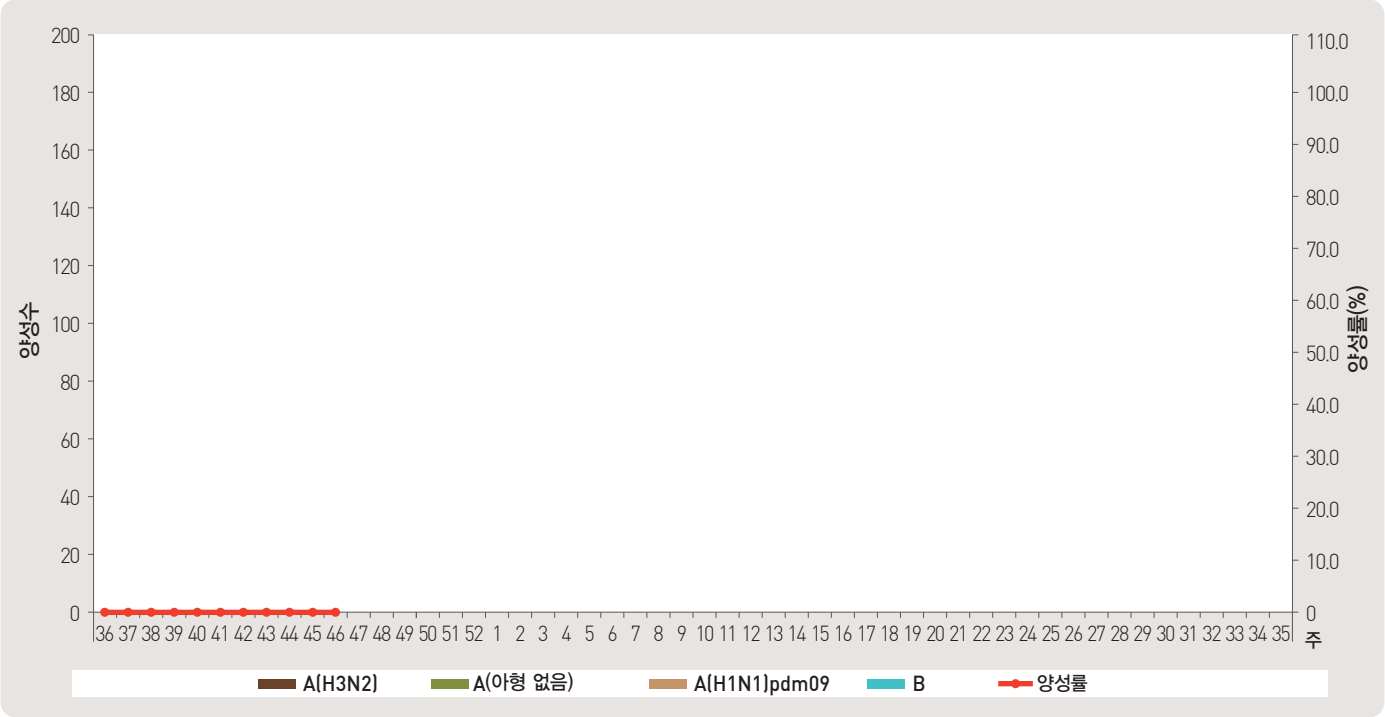


그림 6. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2. 호흡기 바이러스 주간 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년도 제46주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 50.4%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
  (최근 4주 평균 101개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2020 (주)	주별		검출률 (%)							
	검체 건수	검출률 (%)	아데노 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	인플루엔자 바이러스	코로나 바이러스	리노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스
43	71	40.8	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.6	4.2	0.0
44	106	51.9	3.8	0.0	0.0	0.0	0.0	40.6	7.6	0.0
45	109	63.3	4.6	0.0	0.0	0.0	0.0	52.3	6.4	0.0
46	117	50.4	4.3	0.0	0.0	0.0	0.0	39.3	6.8	0.0
Cum.※	403	52.1	4.7	0.0	0.0	0.0	0.0	40.9	6.5	0.0
2019 Cum.∀	12,151	60.2	8.0	6.4	3.9	14.0	2.9	17.2	2.8	5.0

※ 4주 누적 : 2020년 10월 18일 – 2020년 11월 14일 검출률임 (지난 4주간 평균 101개의 검체에서 검출된 수의 평균).
∀ 2019년 누적 : 2018년 12월 30일 – 2019년 12월 28일 검출률임.

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 감시 현황 (45주차)

▣ 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 검출 현황(45주차, 2020. 11. 7. 기준)

- 2019년도 제45주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 유발 바이러스 검출 건수는 0건(0.0%), 세균 검출 건수는 14건(13.0%) 이었음.

◆ 급성설사질환 바이러스

주		검체수	검출 건수(검출률, %)					
			노로바이러스	그룹 A 로타바이러스	장내 아데노바이러스	아스트로바이러스	사포바이러스	합계
2020	42	35	2 (5.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (2.9)	0 (0.0)	3 (8.6)
	43	25	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
	44	29	0 (0.0)	2 (6.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (6.9)
	45	25	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
2020년 누적		1,889	221 (11.7)	38 (2.0)	13 (0.7)	18 (1.0)	4 (0.2)	294 (15.6)

* 검체는 5세 이하 아동의 급성설사 질환자에게서 수집됨.

◆ 급성설사질환 세균

주		검체수	분리 건수(분리율, %)								
			살모넬라균	병원성 대장균	세균성 이질균	장염 비브리오균	비브리오 콜레라균	캄필로 박터균	클라스트리듐 퍼프린젠스	황색 포도알균	바실루스 세레우스균	합계
2020	42	160	7 (4.4)	5 (3.1)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.3)	9 (5.6)	2 (1.3)	2 (1.3)	27 (16.9)
	43	132	3 (2.3)	6 (4.5)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.5)	1 (0.8)	1 (0.8)	4 (3.0)	18 (13.6)
	44	140	1 (0.7)	5 (3.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (2.1)	3 (2.1)	5 (3.6)	5 (3.6)	22 (15.7)
	45	108	0 (0.0)	2 (1.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (4.6)	3 (2.8)	4 (3.7)	14 (13.0)
2020년 누적		8,206	228 (2.8)	381 (4.6)	2 (0.02)	2 (0.02)	0 (0.0)	162 (2.0)	210 (2.6)	156 (1.9)	174 (2.1)	1,334 (16.3)

* 2020년 실험실 감시체계 참여기관(69개 의료기관)

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지 → 감염병포털 → 실험실소식지

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 주간 감시 현황 (45주차)

▣ 엔테로바이러스 주간 검출 현황(45주차, 2020. 11. 7. 기준)

- 2020년도 제45주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원, 전국 60개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 0.0%(0건 양성/8검체), 2020년 누적 양성률 4.2%(17건 양성/405검체)임.

  – 무균성수막염 0건(2020년 누적 4건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2020년 누적 6건), 합병증 동반 수족구 0건(2020년 누적 0건), 기타 0건(2020년 누적 7건)임.

◆ 무균성수막염

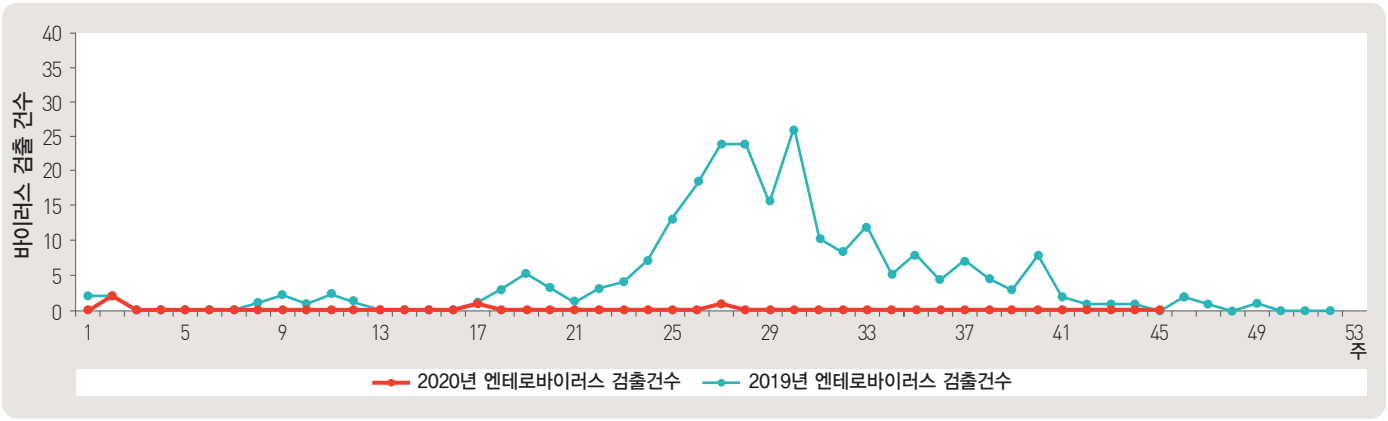


그림 7. 무균성수막염 바이러스 검출수

◆ 수족구병 및 포진성구협염

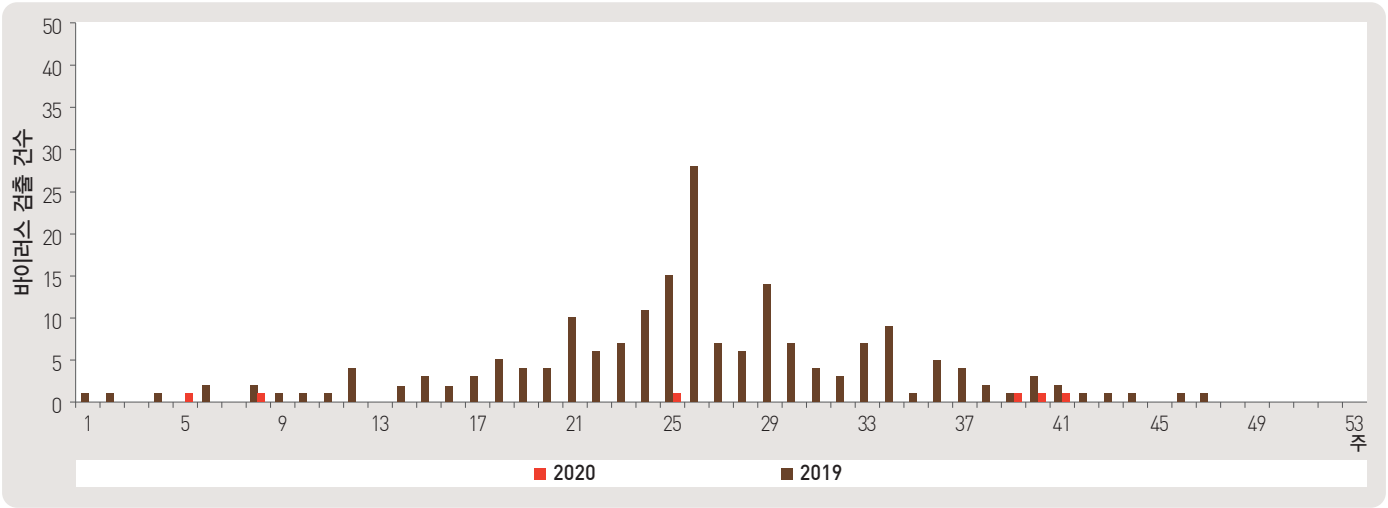


그림 8. 수족구 및 포진성구협염 바이러스 검출수

◆ 합병증 동반 수족구

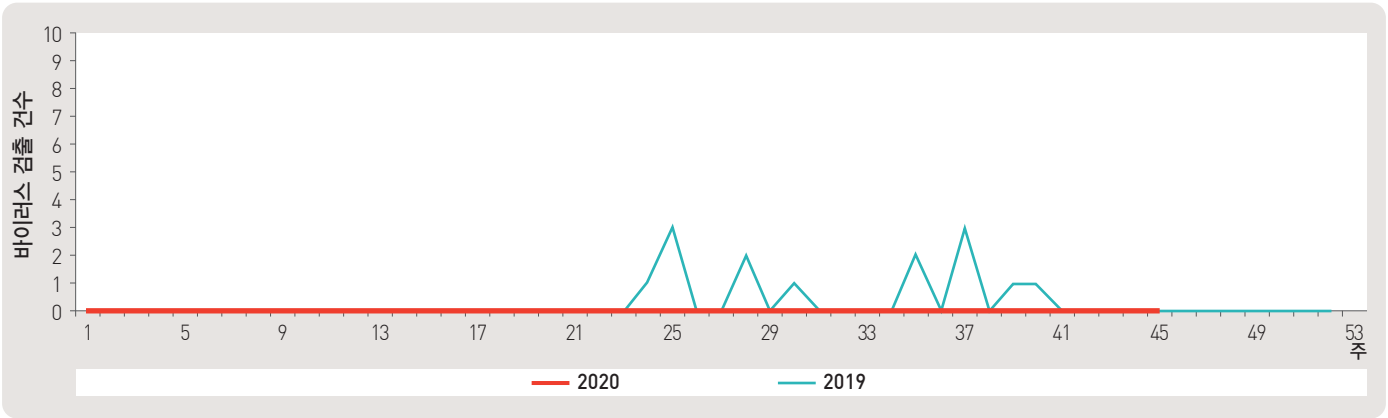


그림 9. 합병증 동반 수족구 바이러스 검출수

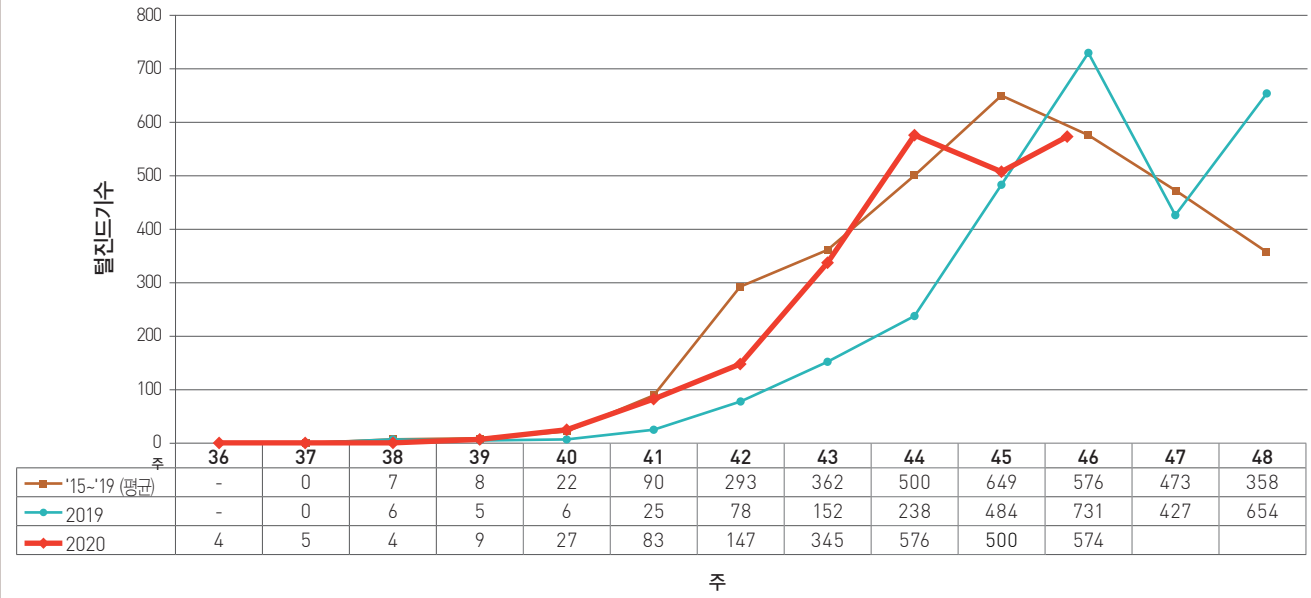
▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지 → 감염병포털 → 실험실소식지

3.1 매개체감시 : 쯔쯔가무시증 매개털진드기 누적 감시현황 (46주차)

▣ 쯔쯔가무시증 매개털진드기 주간 검출 현황(46주차, 2020. 11. 14. 기준)

- 2020년 제46주차 쯔쯔가무시증 매개털진드기 주간 발생현황 : 9개 시·도(총 16개 지점)
  - 쯔쯔가무시증 매개털진드기 : 제46주의 털진드기 개체수가 574개체로 평년(15~19년) 동기간(576개체) 대비 0.3% 감소, 전년(2019년) 동기간(731개체) 대비 21.5% 감소

※ 털진드기 산출법 : 16개 지점, 320개 채집기에서 1주일간 채집된 털진드기 개체수



주	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48
'15~'19 (평균)	-	0	7	8	22	90	293	362	500	649	576	473	358
2019	-	0	6	5	6	25	78	152	238	484	731	427	654
2020	4	5	4	9	27	83	147	345	576	500	574		

그림 10. 쯔쯔가무시증 매개털진드기 검출수

▶ 자세히 보기 : 질병관리청 → 간행물·통계 → 감염병발생정보 → 표본감시주간소식지 → 감염병포털 → 실험실소식지

주요 통계 이해하기

〈통계표 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2018년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, **금주 환자 수(Current week)는 2018년 해당 주의 신고건수**를 나타내며, **2018년 누계 환자수(Cum, 2018)는 2018년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수**, 그리고 **5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 지난 5년(2013-2017년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 29주) 평균으로 계산된다.** 그러므로 금주 환자수(Current week)와 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)의 신고건수를 비교하면 해당 주 단위 시점과 예년의 신고 수준을 비교해 볼 수 있다. 연도별 환자수(Total no. of cases by year)는 지난 5년간 해당 감염병 현황을 나타내는 확정 통계이며 연도별 현황을 비교해 볼 수 있다.

예) 2018년 12주의 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 2013년부터 2017년의 10주부터 28주까지의 신고 건수를 총 29주로 나눈 값으로 구해진다.

* 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)=(X1 + X2 + ⋯ + X25)/25

	10주	12주	12주 해당 주	14주	28주
2018년					
2017년	X1	X2	X3	X4	X5
2016년	X6	X7	X8	X9	X10
2015년	X11	X12	X13	X14	X15
2014년	X16	X17	X18	X19	X20
2013년	X21	X22	X23	X24	X25

〈통계표 2〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병 보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)와 2018년 누계 환자수(Cum, 2018)를 비교해 보면 최근까지의 누적 신고건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 신고건수와 비교가 가능하다. 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)는 지난 5년(2013-2017년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다.

기타 표본감시 감염병에 대한 신고현황 그림과 통계는 최근 발생양상을 신속하게 파악하는데 도움이 된다.

Statistics of selected infectious diseases

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Classification of disease ‡	Current week	Cum. 2020	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
				2019	2018	2017	2016	2015	
Category Ⅱ									
Tuberculosis	458	17,870	534	23,821	26,433	28,161	30,892	32,181	
Varicella	388	29,371	1,933	82,868	96,467	80,092	54,060	46,330	
Measles	0	7	0	194	15	7	18	7	
Cholera	0	0	0	1	2	5	4	0	
Typhoid fever	1	74	1	94	213	128	121	121	
Paratyphoid fever	2	97	1	55	47	73	56	44	
Shigellosis	0	39	2	151	191	112	113	88	
EHEC	3	315	2	146	121	138	104	71	
Viral hepatitis A	57	3,247	60	17,598	2,437	4,419	4,679	1,804	
Pertussis	1	126	10	496	980	318	129	205	
Mumps	184	9,263	351	15,967	19,237	16,924	17,057	23,448	
Rubella	0	2	0	8	0	7	11	11	
Meningococcal disease	0	6	0	16	14	17	6	6	
Pneumococcal disease	1	313	10	526	670	523	441	228	
Hansen's disease	0	3	0	4					
Scarlet fever	9	2,268	238	7,562	15,777	22,838	11,911	7,002	
VRSA	0	9	–	3	0	0	–	–	
CRE	270	14,709	–	15,369	11,954	5,717	–	–	
Viral hepatitis E	5	134	–	–	–	–	–	–	
Category Ⅲ									
Tetanus	2	27	0	31	31	34	24	22	
Viral hepatitis B	5	312	7	389	392	391	359	155	
Japanese encephalitis	0	6	1	34	17	9	28	40	
Viral hepatitis C	136	10,288	195	9,810	10,811	6,396	–	–	
Malaria	2	371	2	559	576	515	673	699	
Legionellosis	2	330	5	501	305	198	128	45	
Vibrio vulnificus sepsis	0	69	1	42	47	46	56	37	
Murine typhus	2	27	1	14	16	18	18	15	
Scrub typhus	654	2,564	1,073	4,005	6,668	10,528	11,105	9,513	
Leptospirosis	13	139	6	138	118	103	117	104	
Brucellosis	0	6	0	1	5	6	4	5	
HFRS	22	205	24	399	433	531	575	384	
HIV/AIDS	20	691	25	1,005	989	1,008	1,060	1,018	
CJD	0	66	1	53	53	36	42	33	
Dengue fever	0	43	5	273	159	171	313	255	
Q fever	0	67	2	162	163	96	81	27	
Lyme Borreliosis	0	7	1	23	23	31	27	9	
Melioidosis	0	1	0	8	2	2	4	4	
Chikungunya fever	0	1	0	16	3	5	10	2	
SFTS	1	235	1	223	259	272	165	79	
Zika virus infection	0	0	–	3	3	11	16	–	

Abbreviation: EHEC= Enterohemorrhagic Escherichia coli, VRSA= Vancomycin-resistant Staphylococcus aureus, CRE= Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, HFRS= Hemorrhagic fever with renal syndrome, CJD= Creutzfeldt-Jacob Disease, SFTS= Severe fever with thrombocytopenia syndrome.
Cum: Cumulative counts from 1st week to current week in a year.
* The reported data for year 2020 are provisional but the data from 2015 to 2019 are finalized data.
† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.
‡ The reported surveillance data excluded no incidence data such as Ebola virus disease, Marburg Hemorrhagic fever, Lassa fever, Crimean Congo Hemorrhagic fever, South American Hemorrhagic fever, Rift Valley fever, Smallpox, Plague, Anthrax, Botulism, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome, Severe Acute Respiratory Syndrome, Middle East Respiratory Syndrome, Human infection with zoonotic influenza, Novel Influenza, Diphtheria, Poliomyelitis, Haemophilus influenza type b, Epidemic typhus, Rabies, Yellow fever, West Nile fever and Tick-borne Encephalitis.

Table 2. Reported cases of infectious diseases by geography, week ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Tuberculosis			Varicella			Measles			Cholera		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	458	17,870	25,010	388	29,371	56,950	0	7	46	0	0	2
Seoul	81	3,111	4,596	40	3,549	6,643	0	2	7	0	0	0
Busan	33	1,157	1,747	29	1,629	3,139	0	0	2	0	0	1
Daegu	11	868	1,182	11	1,435	2,986	0	0	3	0	0	0
Incheon	24	918	1,309	14	1,494	2,908	0	0	2	0	0	0
Gwangju	10	447	614	9	1,274	1,917	0	0	0	0	0	0
Daejeon	5	382	562	13	951	1,581	0	0	5	0	0	0
Ulsan	11	336	512	6	620	1,703	0	0	1	0	0	0
Sejong	4	80	77	5	250	568	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	121	3,858	5,364	133	7,740	15,991	0	3	15	0	0	0
Gangwon	28	758	1,056	0	839	1,552	0	0	1	0	0	0
Chungbuk	9	554	769	16	1,091	1,463	0	0	0	0	0	0
Chungnam	32	908	1,184	12	1,045	2,113	0	0	2	0	0	0
Jeonbuk	13	742	963	21	1,152	2,422	0	0	1	0	0	0
Jeonnam	28	941	1,294	14	1,125	2,346	0	1	2	0	0	0
Gyeongbuk	25	1,344	1,814	15	1,589	3,022	0	0	3	0	0	0
Gyeongnam	21	1,231	1,657	46	2,914	5,162	0	1	2	0	0	1
Jeju	2	235	311	4	674	1,434	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic *Escherichia coli*		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	1	74	125	2	97	51	0	39	112	3	315	107
Seoul	0	9	23	0	13	10	0	7	28	0	26	16
Busan	0	8	10	0	25	6	0	5	7	1	9	3
Daegu	0	3	4	0	8	2	0	1	7	0	9	4
Incheon	0	5	7	0	5	2	0	2	9	0	10	9
Gwangju	0	2	3	0	2	2	0	2	3	1	19	16
Daejeon	0	2	6	0	1	2	0	0	2	1	8	2
Ulsan	0	1	3	0	0	0	0	2	1	0	6	4
Sejong	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1
Gyonggi	0	22	28	0	15	10	0	8	21	0	145	20
Gangwon	0	7	4	0	5	2	0	1	2	0	6	4
Chungbuk	0	1	4	0	1	2	0	0	3	0	4	4
Chungnam	0	4	5	0	4	1	0	3	6	0	9	3
Jeonbuk	1	2	2	0	0	3	0	0	2	0	2	2
Jeonnam	0	0	6	0	7	2	0	3	6	0	15	7
Gyeongbuk	0	2	5	0	3	2	0	1	6	0	19	4
Gyeongnam	0	5	11	1	6	4	0	3	7	0	12	4
Jeju	0	1	3	1	2	1	0	1	2	0	14	4

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Viral hepatitis A			Pertussis			Mumps			Rubella		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	57	3,247	5,832	1	126	367	184	9,263	16,555	0	2	6
Seoul	7	635	1,087	0	16	48	15	1,165	1,689	0	0	2
Busan	1	82	205	0	6	34	18	499	1,027	0	1	0
Daegu	0	69	90	0	5	11	9	384	581	0	0	0
Incheon	13	347	395	0	6	21	8	456	730	0	0	0
Gwangju	4	68	98	0	10	18	7	303	921	0	0	0
Daejeon	2	122	648	0	7	7	4	258	396	0	0	1
Ulsan	0	33	40	0	2	10	11	271	559	0	0	0
Sejong	0	19	94	0	0	5	3	65	70	0	0	0
Gyonggi	0	1,033	1,761	1	22	58	57	2,729	4,226	0	1	1
Gangwon	0	84	105	0	0	3	0	305	512	0	0	0
Chungbuk	10	125	285	0	0	8	8	277	358	0	0	0
Chungnam	6	197	437	0	4	7	8	419	630	0	0	0
Jeonbuk	6	184	224	0	3	8	9	405	1,039	0	0	0
Jeonnam	4	59	108	0	20	17	7	362	776	0	0	1
Gyeongbuk	3	95	107	0	9	24	7	457	833	0	0	1
Gyeongnam	1	71	121	0	15	83	10	746	1,994	0	0	0
Jeju	0	24	27	0	1	5	3	162	214	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II						Diseases of Category III					
	Meningococcal disease			Scarlet fever			Tetanus			Viral hepatitis B		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	0	6	11	9	2,268	11,253	2	27	26	5	312	292
Seoul	0	2	3	3	325	1,484	0	2	2	0	50	53
Busan	0	0	1	2	132	789	0	2	2	1	18	20
Daegu	0	0	1	0	43	397	0	1	2	1	11	9
Incheon	0	1	1	0	116	527	0	0	1	0	18	15
Gwangju	0	0	0	0	289	539	0	1	1	0	6	6
Daejeon	0	0	0	0	85	423	0	0	1	0	12	10
Ulsan	0	0	0	0	82	488	0	0	0	0	7	7
Sejong	0	0	0	0	12	60	0	1	0	0	2	0
Gyonggi	0	2	2	0	562	3,290	0	2	3	1	84	71
Gangwon	0	0	1	0	50	174	0	1	1	0	11	9
Chungbuk	0	0	0	0	33	208	0	3	1	0	9	11
Chungnam	0	0	0	0	72	503	0	6	1	0	13	16
Jeonbuk	0	0	0	0	57	381	1	4	1	1	15	15
Jeonnam	0	0	0	0	99	432	0	2	4	1	17	14
Gyeongbuk	0	1	1	2	82	572	0	1	3	0	8	16
Gyeongnam	0	0	1	1	169	857	1	1	3	0	28	17
Jeju	0	0	0	1	60	129	0	0	0	0	3	3

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Japanese encephalitis			Malaria			Legionellosis			*Vibrio vulnificus* sepsis		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	0	6	25	2	371	594	2	330	200	0	69	43
Seoul	0	0	8	0	55	84	0	90	59	0	11	6
Busan	0	0	0	0	2	8	0	19	10	0	7	3
Daegu	0	0	2	0	3	7	0	9	7	0	0	1
Incheon	0	1	1	1	50	88	1	17	17	0	6	3
Gwangju	0	0	1	0	5	4	0	13	2	0	1	1
Daejeon	0	0	1	0	4	4	0	5	2	0	0	1
Ulsan	0	0	0	0	3	4	0	2	3	0	1	1
Sejong	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
Gyonggi	0	4	5	0	213	337	0	76	47	0	10	9
Gangwon	0	1	1	0	12	17	0	8	8	0	2	0
Chungbuk	0	0	1	0	4	6	0	15	8	0	0	1
Chungnam	0	0	2	1	7	8	0	6	6	0	9	2
Jeonbuk	0	0	0	0	4	4	0	12	4	0	2	2
Jeonnam	0	0	1	0	1	4	0	14	5	0	10	5
Gyeongbuk	0	0	1	0	3	7	0	13	13	0	2	2
Gyeongnam	0	0	1	0	4	8	1	12	6	0	7	5
Jeju	0	0	0	0	0	3	0	18	3	0	1	1

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	2	27	13	654	2,564	6,501	13	139	97	0	6	2
Seoul	0	2	1	5	29	196	0	9	5	0	1	1
Busan	0	1	1	54	180	385	1	7	5	0	0	0
Daegu	0	1	0	21	74	130	0	1	1	0	0	0
Incheon	1	12	1	8	27	67	0	1	2	0	0	0
Gwangju	0	0	2	9	72	198	0	3	3	0	0	0
Daejeon	0	0	0	28	89	201	5	17	2	0	0	0
Ulsan	1	3	1	49	135	287	0	0	2	0	0	1
Sejong	0	0	0	7	23	41	1	4	0	0	0	0
Gyonggi	0	5	2	0	50	552	0	11	16	0	0	0
Gangwon	0	1	0	0	13	59	0	5	5	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	12	49	170	3	20	4	0	0	0
Chungnam	0	1	1	59	276	757	1	15	13	0	0	0
Jeonbuk	0	0	1	63	277	730	1	9	5	0	3	0
Jeonnam	0	0	2	97	478	1,053	0	14	13	0	2	0
Gyeongbuk	0	1	0	46	161	435	1	13	9	0	0	0
Gyeongnam	0	0	1	190	604	1,185	0	10	11	0	0	0
Jeju	0	0	0	6	27	55	0	0	1	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Hemorrhagic fever with renal syndrome			Creutzfeldt-Jacob Disease			Dengue fever			Q fever		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	22	205	360	0	66	41	0	43	209	0	67	93
Seoul	1	5	14	0	14	9	0	14	66	0	1	6
Busan	1	4	12	0	8	3	0	5	11	0	1	1
Daegu	1	4	3	0	5	2	0	2	11	0	0	2
Incheon	0	2	6	0	3	2	0	2	11	0	3	2
Gwangju	1	2	6	0	2	0	0	0	2	0	2	4
Daejeon	1	2	4	0	1	1	0	0	4	0	3	3
Ulsan	0	0	2	0	3	1	0	1	4	0	0	2
Sejong	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gyonggi	0	27	72	0	16	10	0	13	59	0	12	12
Gangwon	0	15	12	0	1	2	0	0	4	0	0	0
Chungbuk	0	7	19	0	1	1	0	0	3	0	9	21
Chungnam	4	19	50	0	1	1	0	2	6	0	10	12
Jeonbuk	1	34	38	0	3	2	0	0	5	0	6	5
Jeonnam	6	40	60	0	1	1	0	1	4	0	14	11
Gyeongbuk	0	20	34	0	2	3	0	1	6	0	1	5
Gyeongnam	6	21	26	0	5	3	0	1	10	0	5	7
Jeju	0	3	1	0	0	0	0	1	2	0	0	0

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. *(Continued)* Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending November 14, 2020 (46th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅳ								
	Lyme Borreliosis			Severe fever with thrombocytopenia syndrome			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
Overall	0	7	19	1	235	200	0	0	–
Seoul	0	3	7	0	10	10	0	0	–
Busan	0	0	1	0	0	2	0	0	–
Daegu	0	0	0	0	25	5	0	0	–
Incheon	0	0	2	0	3	3	0	0	–
Gwangju	0	0	0	0	2	1	0	0	–
Daejeon	0	0	1	0	3	3	0	0	–
Ulsan	0	0	0	0	7	4	0	0	–
Sejong	0	0	0	0	2	1	0	0	–
Gyonggi	0	0	4	0	33	36	0	0	–
Gangwon	0	3	0	0	29	30	0	0	–
Chungbuk	0	0	0	0	3	8	0	0	–
Chungnam	0	1	1	0	20	18	0	0	–
Jeonbuk	0	0	1	0	11	9	0	0	–
Jeonnam	0	0	0	0	8	14	0	0	–
Gyeongbuk	0	0	1	0	32	27	0	0	–
Gyeongnam	0	0	1	1	34	17	0	0	–
Jeju	0	0	0	0	13	12	0	0	–

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

* The reported data for year 2019, 2020 are provisional but the data from 2014 to 2018 are finalized data.

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

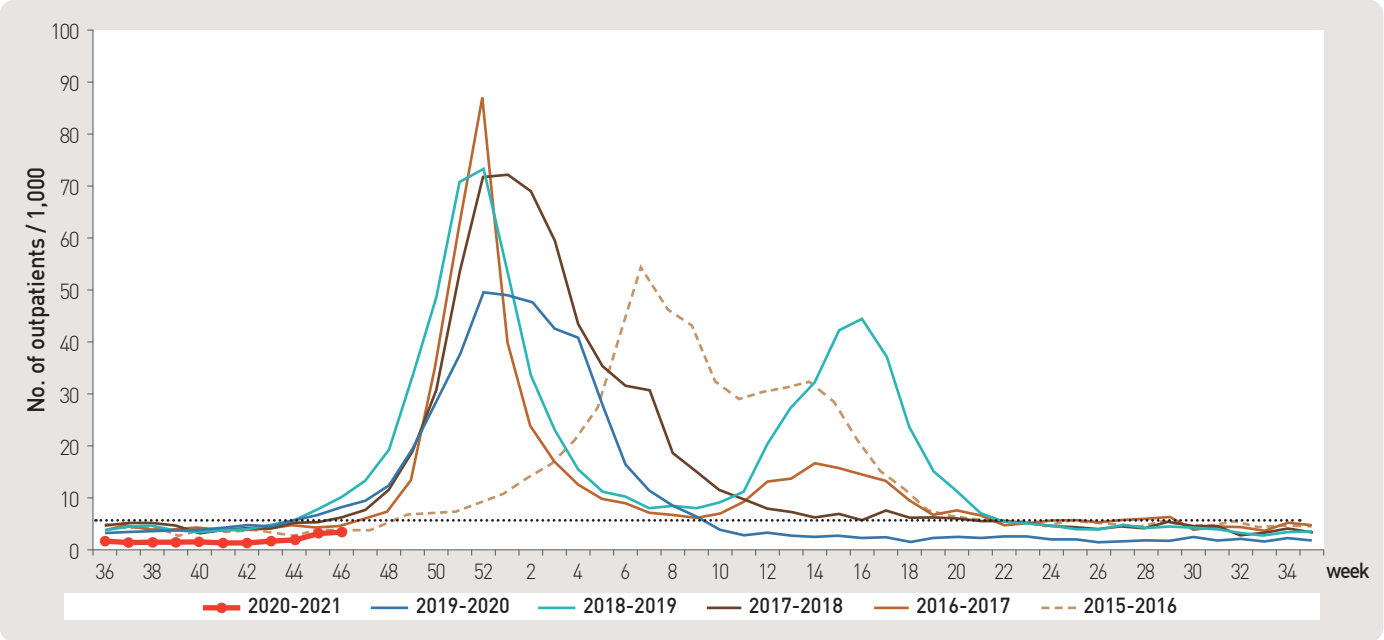


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2015-2016 to 2020-2021 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD), Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

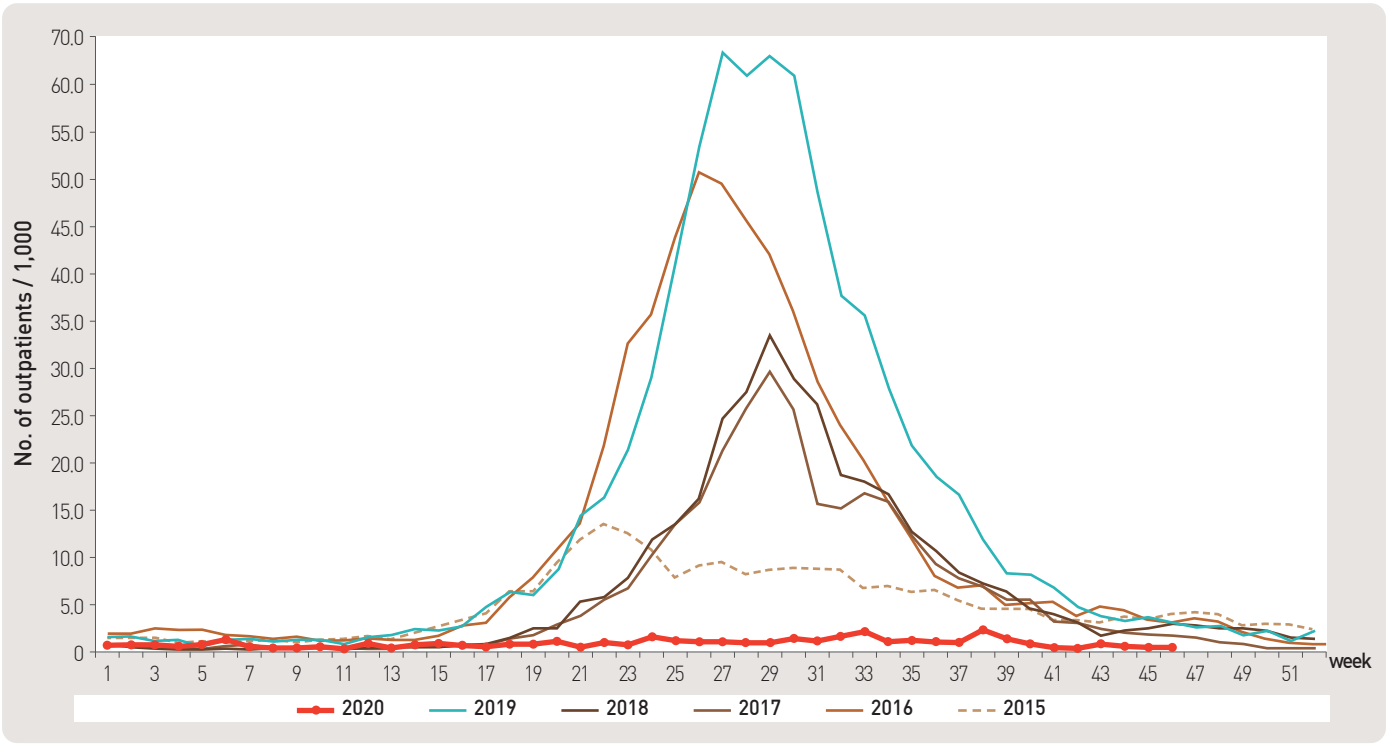


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2015-2020

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

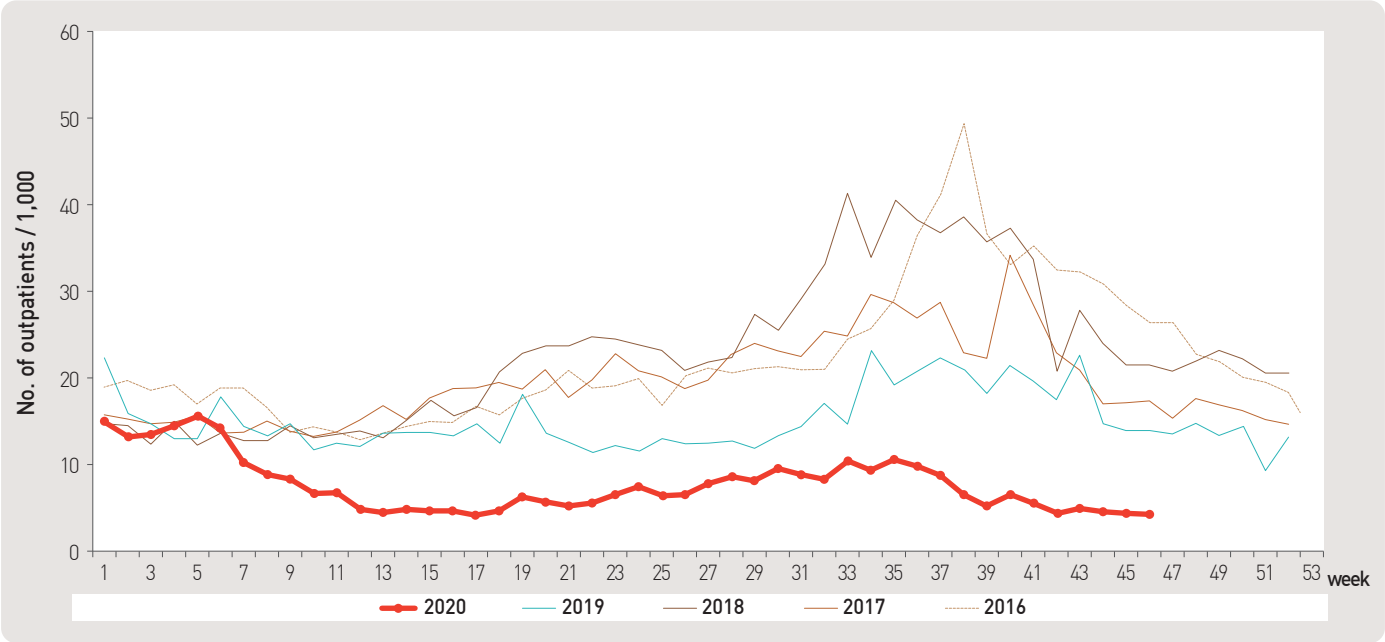


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

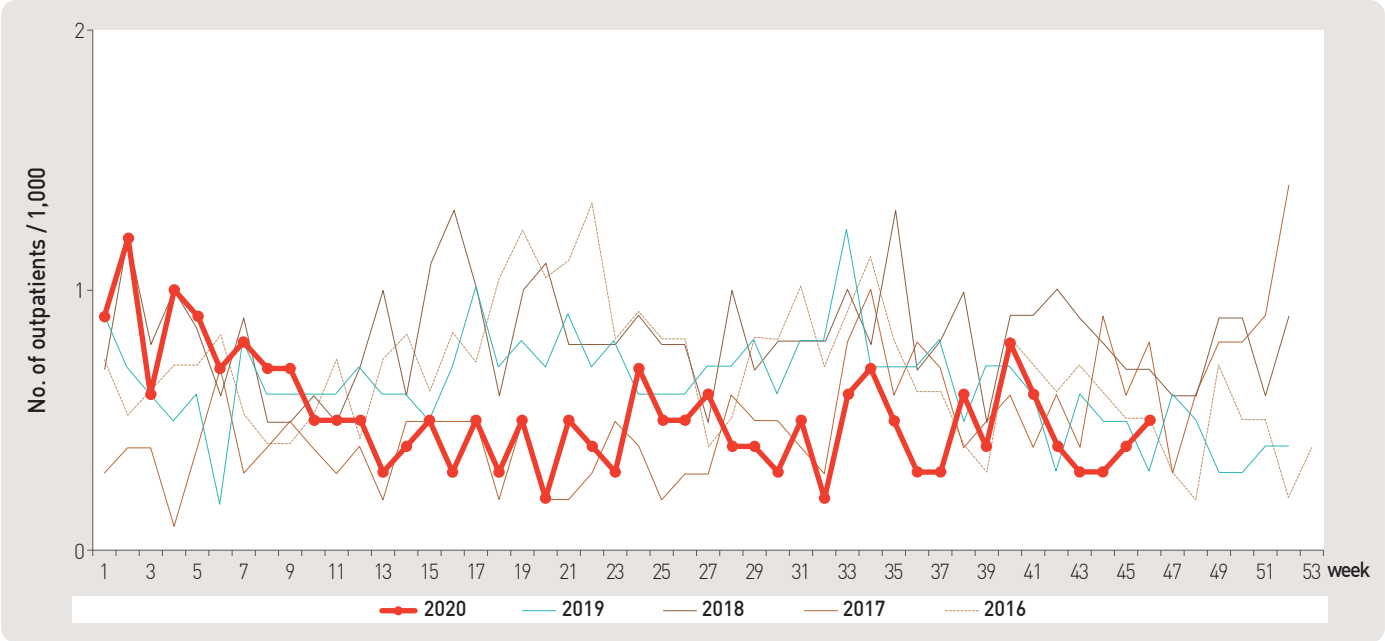


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases†, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
1.3	7.8	9.1	1.8	26.2	28.8	2.2	39.1	36.9	1.5	22.3	21.1

Human Papilloma virus infection			Syphilis								
			Primary			Secondary			Congenital		
Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2020	Cum. 5-year average§
2.9	72.7	72.7	1.0	2.3	2.3	0.0	2.8	2.8	0.0	1.0	1.0

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

† According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.

§ Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

▣ Waterborne and foodborne disease outbreaks, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

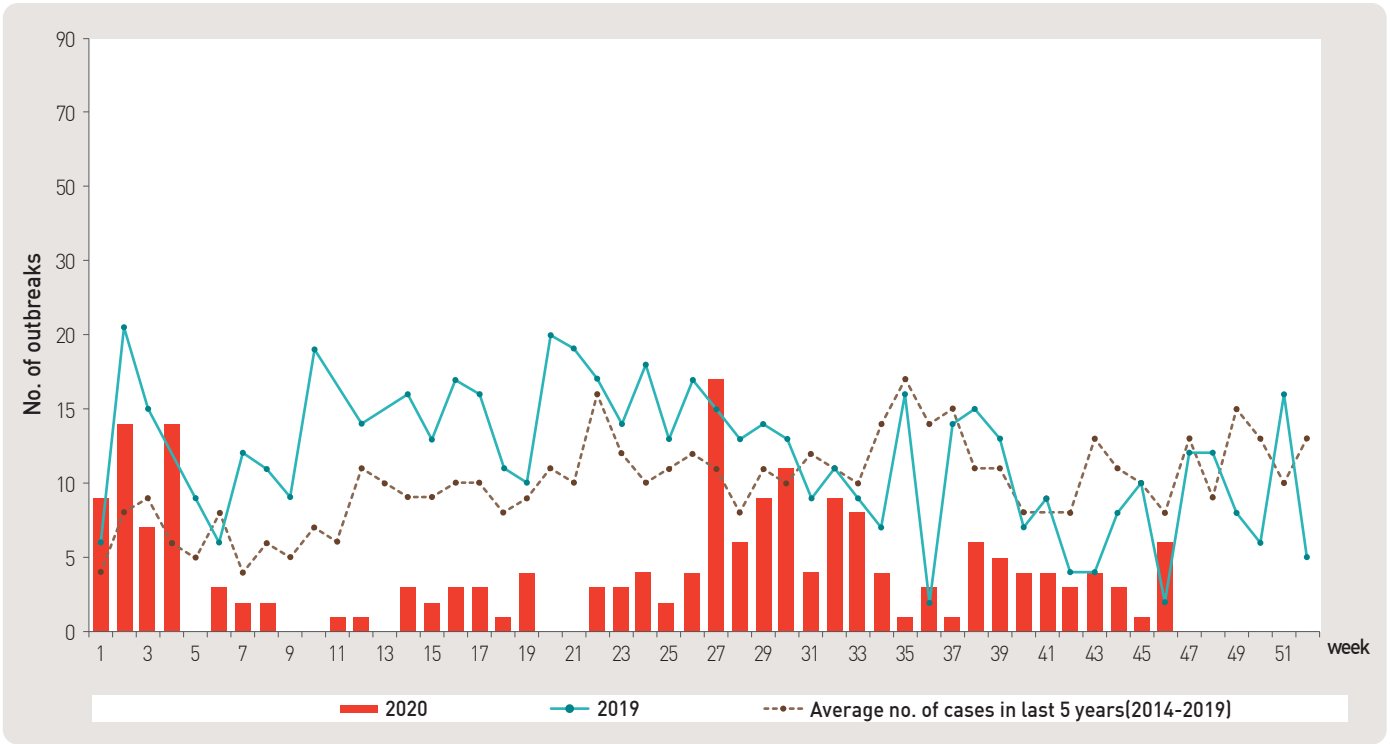


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2019–2020

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

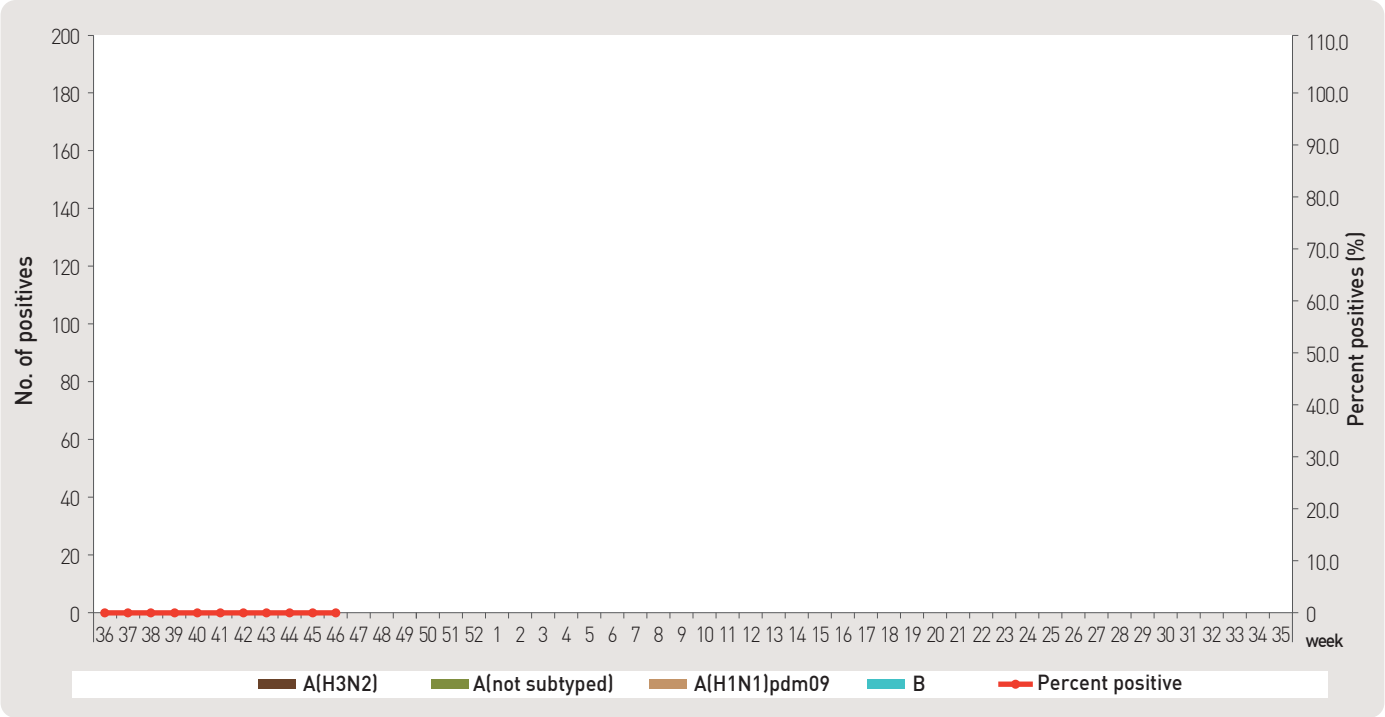


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2020–2021 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending November 14, 2020 (46th week)

2020 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
43	71	40.8	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.6	4.2	0.0
44	106	51.9	3.8	0.0	0.0	0.0	0.0	40.6	7.6	0.0
45	109	63.3	4.6	0.0	0.0	0.0	0.0	52.3	6.4	0.0
46	117	50.4	4.3	0.0	0.0	0.0	0.0	39.3	6.8	0.0
Cum.※	403	52.1	4.7	0.0	0.0	0.0	0.0	40.9	6.5	0.0
2019 Cum.∀	12,151	60.2	8.0	6.4	3.9	14.0	2.9	17.2	2.8	5.0

- HAdV: human Adenovirus, HPIV: human Parainfluenza virus, HRSV: human Respiratory syncytial virus, IFV: Influenza virus, HCoV: human Coronavirus, HRV: human Rhinovirus, HBoV: human Bocavirus, HMPV: human Metapneumovirus

※ Cum.: the rate of detected cases between October 18, 2020 – November 14, 2020 (Average No. of detected cases is 101 last 4 weeks)

∀ 2019 Cum.: the rate of detected cases between December 30, 2018 – December 28, 2019

▣ Acute gastroenteritis-causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending November 7, 2020 (45th week)

◆ Acute gastroenteritis-causing viruses

Week		No. of sample	No. of detection (Detection rate, %)					
			Norovirus	Group A Rotavirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Sapovirus	Total
2020	42	35	2 (5.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (2.9)	0 (0.0)	3 (8.6)
	43	25	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
	44	29	0 (0.0)	2 (6.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (6.9)
	45	25	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
Cum.		1,889	221 (11.7)	38 (2.0)	13 (0.7)	18 (1.0)	4 (0.2)	294 (15.6)

* The samples were collected from children ≤5 years of sporadic acute gastroenteritis in Korea.

◆ Acute gastroenteritis-causing bacteria

Week		No. of sample	No. of isolation (Isolation rate, %)								
			Salmonella spp.	Pathogenic *E.coli*	*Shigella spp.*	*V.parahaemolyticus*	*V. cholerae*	*Campylobacter spp.*	*C.perfringens*	*S. aureus*	*B. cereus*	Total
2020	42	160	7 (4.4)	5 (3.1)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.3)	9 (5.6)	2 (1.3)	2 (1.3)	27 (16.9)
	43	132	3 (2.3)	6 (4.5)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.5)	1 (0.8)	1 (0.8)	4 (3.0)	18 (13.6)
	44	140	1 (0.7)	5 (3.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (2.1)	3 (2.1)	5 (3.6)	5 (3.6)	22 (15.7)
	45	108	0 (0.0)	2 (1.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (4.6)	3 (2.8)	4 (3.7)	14 (13.0)
Cum.		8,206	228 (2.8)	381 (4.6)	2 (0.02)	2 (0.02)	0 (0.0)	162 (2.0)	210 (2.6)	156 (1.9)	174 (2.1)	1,334 (16.3)

* Bacterial Pathogens: *Salmonella spp., E. coli (EHEC, ETEC, EPEC, EIEC), Shigella spp., Vibrio parahaemolyticus, Vibrio cholerae, Campylobacter spp., Clostridium perfringens, Staphylococcus aureus, Bacillus cereus, Listeria monocytogenes, Yersinia enterocolitica.*

* Hospital participating in laboratory surveillance in 2018 (70 hospitals)

† Contains 3 *Listeria monocytogenes*

▣ Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending November 7, 2020 (45th week)

◆ Aseptic meningitis

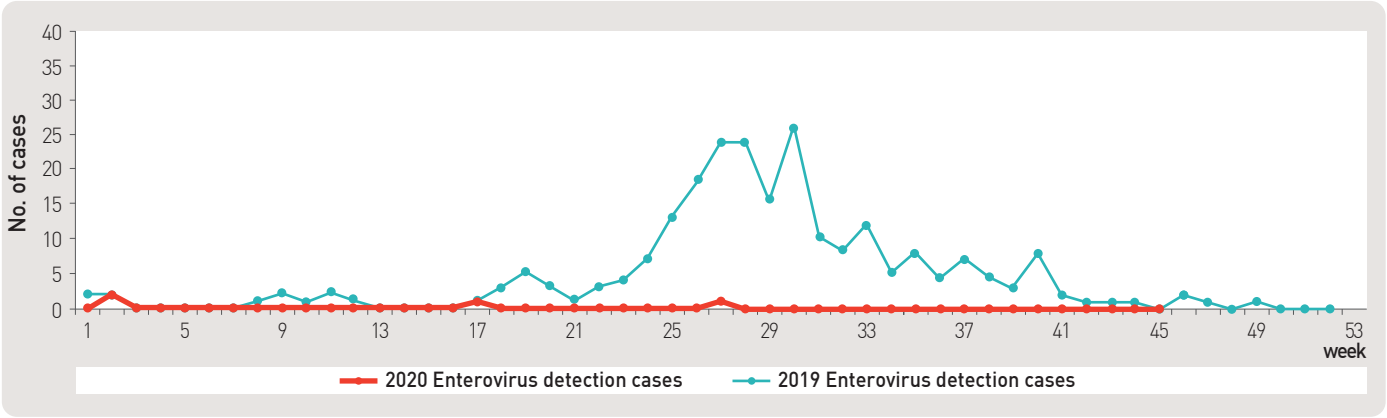


Figure 7. Detection cases of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2019 to 2020

◆ HFMD and Herpangina

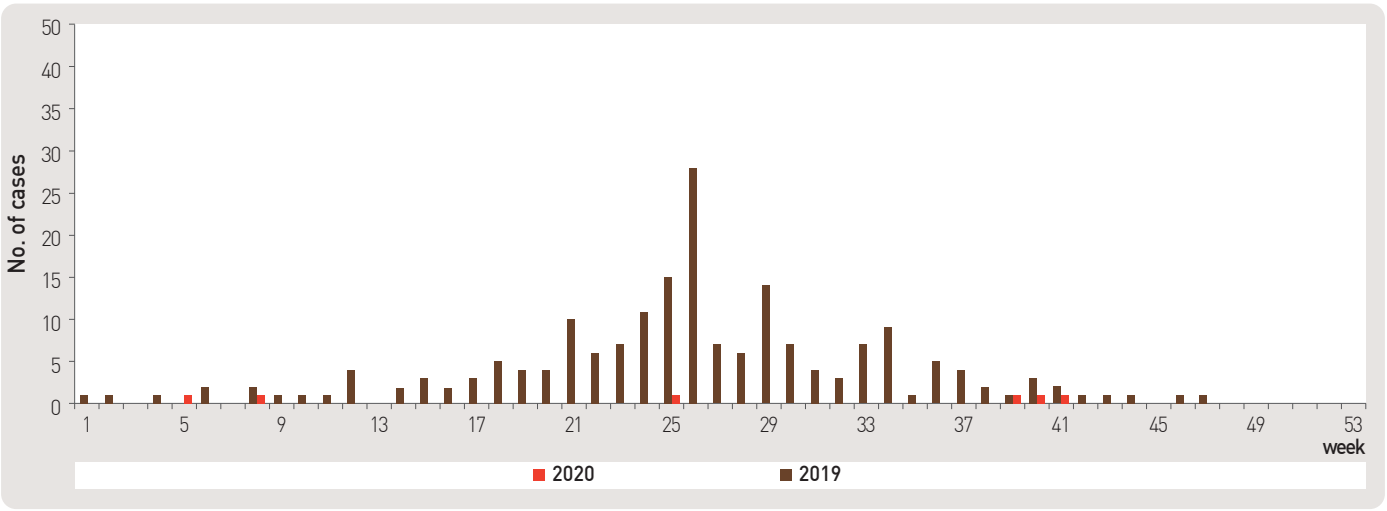


Figure 8. Detection cases of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2019 to 2020

◆ HFMD with Complications

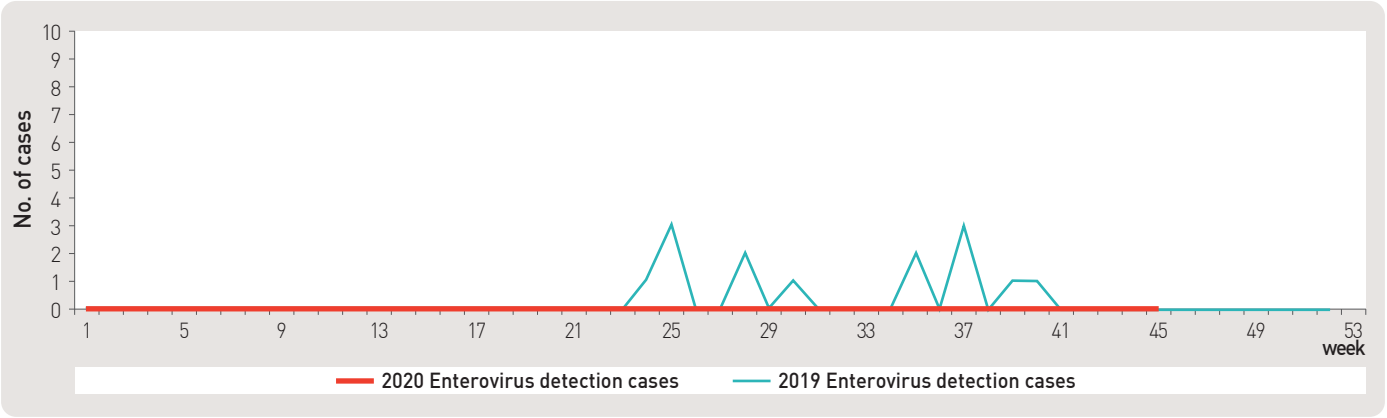
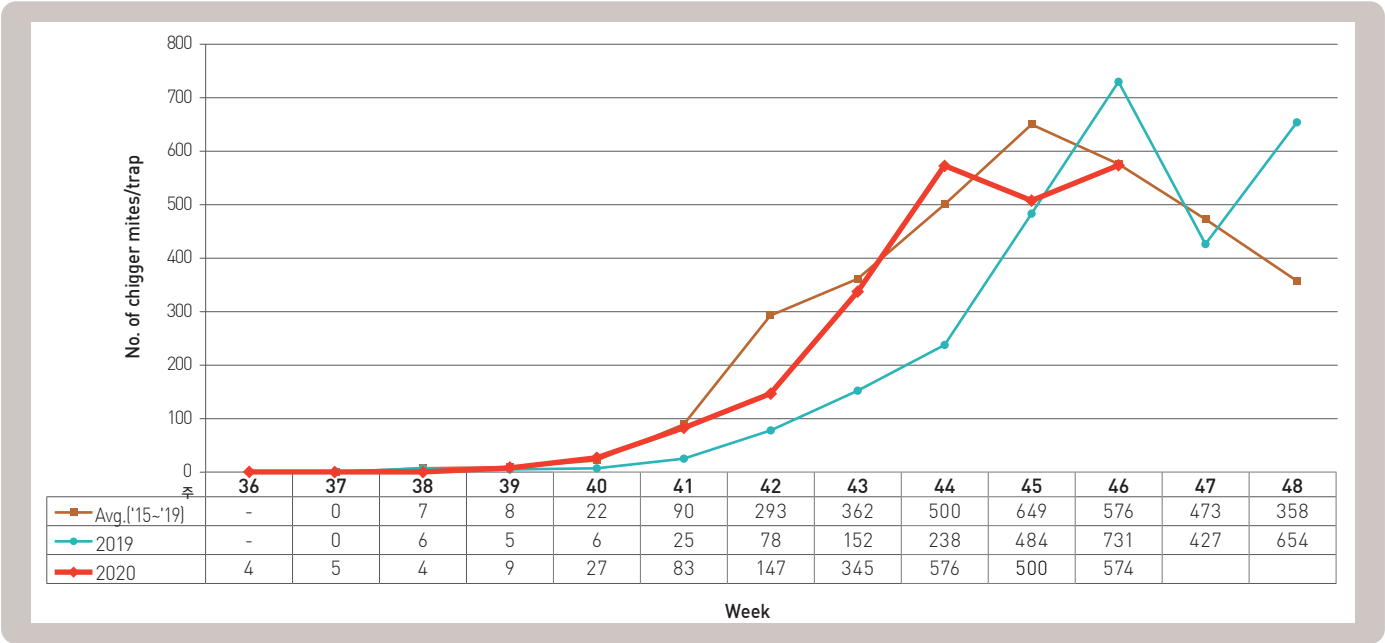


Figure 9. Detection cases of enterovirus in HFMD with complications patients from 2019 to 2020

▣ Vector surveillance : Scrub typhus vector chigger mites, Republic of Korea, week ending November 14, 2020 (46th week)



주	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48
Avg.('15~'19)	-	0	7	8	22	90	293	362	500	649	576	473	358
2019	-	0	6	5	6	25	78	152	238	484	731	427	654
2020	4	5	4	9	27	83	147	345	576	500	574		

Figure 10. Weekly incidence of scrub typhus vector chiggers in 2020

About PHWR Disease Surveillance Statistics

The Public Health Weekly Report (PHWR) Disease Surveillance Statistics is prepared by the Korea Centers for Disease Control and Prevention (Korea CDC). These provisional surveillance data on the reported occurrence of national notifiable diseases and conditions are compiled through population-based or sentinel-based surveillance systems and published weekly, except for data on infrequent or recently-designated diseases. These surveillance statistics are informative for analyzing infectious disease or condition numbers and trends. However, the completeness of data might be influenced by some factors such as a date of symptom or disease onset, diagnosis, laboratory result, reporting of a case to a jurisdiction, or notification to Korea Centers for Disease Control and Prevention. The official and final disease statistics are published in infectious disease surveillance yearbook annually.

Using and Interpreting These Data in Tables

- Current Week – The number of cases under current week denotes cases who have been reported to Korea CDC at the central level via corresponding jurisdictions(health centers, and health departments) during that week and accepted/approved by surveillance staff.
- Cum. 2018 – For the current year, it denotes the cumulative(Cum) year-to-date provisional counts for the specified condition.
- 5-year weekly average – The 5-year weekly average is calculated by summing, for the 5 proceeding years, the provisional incidence counts for the current week, the two weeks preceding the current week, and the two weeks following the current week. The total sum of cases is then divided by 25 weeks. It gives help to discern the statistical aberration of the specified disease incidence by comparing difference between counts under current week and 5-year weekly average.

For example,

* 5-year weekly average for current week= (X1 + X2 + … + X25) / 25

	10	11	12	13	14
2018			Current week		
2017	**X1**	**X2**	**X3**	**X4**	**X5**
2016	**X6**	X7	X8	X9	X10
2015	**X11**	X12	X13	X14	X15
2014	**X16**	X17	X18	X19	X20
2013	**X21**	X22	X23	X24	X25

- Cum. 5-year average – Mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years. It gives help to understand the increasing or decreasing pattern of the specific disease incidence by comparing difference between cum. 2018 and cum. 5-year average.

Contact Us

Questions or comments about the PHWR Disease Surveillance Statistics can be sent to phwrcdc@korea.kr or to the following:

Mail:
Division of Strategic Planning for Emerging Infectious Diseases Korea Centers for Disease Control and Prevention
187 Osongsaengmyeong 2-ro, Osong-eup, Heungdeok-gu, Cheongju-si, Chungcheongbuk-do, Korea, 28160

발간등록번호 11-1351159-000002-03

www.kdca.go.kr

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리청에서 시행되는 조사사업을 통해 생성된 감시 및 연구 자료를 기반으로 근거중심의 건강 및 질병관련 정보를 제공하고자 최선을 다할 것이며, 제공되는 정보는 질병관리청의 특정 의사와는 무관함을 알립니다.

본 간행물에서 제공되는 감염병 통계는 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률」에 의거, 국가감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기반으로 집계된 것으로 집계된 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 것이며 확진 결과시 혹은 다른 병으로 확인 될 경우 수정 될 수 있는 잠정 통계임을 알립니다.

「주간 건강과 질병, PHWR」은 질병관리청 홈페이지를 통해 주간 단위로 게시되고 있으며, 정기적 구독을 원하시는 분은 phwrcdc@korea.kr로 신청 가능합니다. 이메일을 통해 보내지는 본 간행물의 정기적 구독 요청시 구독자의 성명, 연락처, 직업 및 이메일 주소가 요구됨을 알려 드립니다.

「주간 건강과 질병」 발간 관련 문의 : phwrcdc@korea.kr/ 043-219-2955

창 간 : 2008년 4월 4일
발 행 : 2020년 11월 19일
발 행 인 : 정은경
편 집 인 : 조은희
편집위원 : 박혜경, 이동한, 이상원, 이연경, 심은혜, 오경원, 김성수, 유효순
편집실무위원 : 김은진, 김은경, 손태종, 주재신, 이지아, 김성순, 진여원, 권동혁, 백수진, 박숙경, 박현정, 전정훈, 정윤석, 임도상, 권상희, 신지연, 박신영, 정지원, 이승희, 윤여란, 서순려, 김청식
편 집 : 질병관리청 만성질환관리국 건강위해대응관 미래질병대비과

충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운 (우)28159
Tel. (043) 219-2955 Fax. (043) 219-2969