pISSN 2005-811X
eISSN 2586-0860

www.kdca.go.kr

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol. 14, No. 28, 2021

CONTENTS

COVID-19 Special Report

2000 Reinfection of COVID-19 in the Republic of Korea

건강이슈

2005 항생제 내성 예방 · 관리의 중요성

역학 · 관리보고서

2007 2016~2019년 국내 종합병원 분리 주요 세균의 항생제 내성률 추이(Kor-GLASS)

2025 2019 희귀질환자 통계 연보 주요 결과

감염병 통계

2037 환자감시 : 전수감시, 표본감시
병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스
매개체감시 : 말라리아 매개모기, 일본뇌염 매개모기

질병관리청

COVID-19 Special Report

Reinfection of COVID-19 in the Republic of Korea

Ae Kyung Park[1], Il-Hwan Kim[1], Jee Eun Rhee[1], Eun-Jin Kim[1], Seong Jin Wang[2], Sang-Eun Lee[2], Young Joon Park[2], Gemma Park[3], Jung Yeon Kim[3], Jin Gwack[3]

[1]Laboratory Analysis Team, Laboratory Diagnosis Task Force; [2]Epidemiological Investigation Team, Epidemiological Investigation and Analysis Task Force; [3]Case and Guideline Management Team, Infection Prevention Support Team, Central Disease Control Headquarters, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Abstract

The aim of this study was to analyze the epidemiology and characteristics of presumed Coronavirus Disease-19 (COVID-19) reinfection cases. Since the first case of reinfection of COVID-19 in the Republic of Korea in April 2020 was identified, an additional four cases have been classified as reinfection cases. To conduct analysis, we performed whole-genome sequencing (WGS) of the viral RNA at the initial infection and at the reinfection of four presumed reinfection cases. The analysis of genome sequences indicated that there were two cases which showed distinct SARS-CoV-2 strain in reinfection when compared to that of the initial infection. Of the remaining two cases, the viral RNA of the initial infection was unobtainable for one case and a complete genome sequence of reinfection due to the high Ct value was unobtainable for the remaining case. Therefore, considering the epidemiological results, this study concluded that the two cases were reinfection cases. In an environment where concerns about reinfection are growing due to the ongoing COVID-19 pandemic and the emergence of variants, it is necessary to analyze cases through continuous monitoring.

Keywords: Coronavirus Disease-19 (COVID-19), Reinfection, Whole Genome Sequencing (WGS)

Introduction

As of June 2021, the cumulative number of confirmed cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) infection has exceeded 170 million worldwide and the number has reached 140,000 in the Republic of Korea. As the pandemic continues, cases of reinfection have been reported worldwide. Since the first case of COVID-19 reinfection was reported in Hong Kong in August 2020, reinfection cases have continued to be reported in Belgium, the Netherlands, and the United States [1,2]. In particular, after the appearance of variants, some cases have occurred in which patients who were confirmed to have been infected with COVID-19 became re-infected with variants. In December 2020, herd immunity was achieved in Manaus, Brazil, where three-quarters of the local population had been infected with COVID-19; however, there has been a recent surge in the number of COVID-19 cases, which is suspected of having occurred due to the P.1 variant [3]. With the increasing number of suspected reinfection cases, the Centers for Disease Control and Prevention (CDC) in the United States and the European Center for Disease Prevention and Control (ECDC) published criteria for the investigation of reinfection cases [4,5].

In the Republic of Korea, the first reinfection case was confirmed in April 2020 in a patient who had recovered after being infected with COVID-19 in March 2020: distinct viral strains were confirmed in the first and specimen from the

second infections [6]. Since then, the Korea Disease Control and Prevention Agency developed reinfection investigation criteria and has been conducting analyses of reinfection cases. Virological analyses were performed to ascertain reinfection based on laboratory evidence for five cases that had been epidemiologically classified as suspected reinfection cases.

Result

Table 1 summarizes the five suspected reinfection cases identified in the Republic of Korea. Case 1 was the first reinfection case in the Republic of Korea: reinfection was ascertained by a disparity in the genotype (V→G) between the first and specimen from the second infections [6]. The remaining cases (cases 2 to 5) were epidemiologically classified as suspected reinfection, as exposure to new COVID-19 variants was confirmed after collection of a specimen from the second infection 90 days or more after the infection.

Other than the confirmed reinfection case (case 1), the four suspected reinfection cases underwent whole-genome sequencing (the scope of analysis may be limited depending on whether specimens were secured): the specimens from the first infection and the specimens from the second infection (four specimens) were analyzed for case 4 and case 5, and the specimens from the second infection (two specimens) were analyzed for case 2 and case 3. Whole-genome sequencing was performed on the six specimens available for analysis to investigate clades and lineages [7]. The results of the analysis are presented in Table 2.

Whole-genome sequencing was completed for five of the six specimens, with the exception of the specimen from the second infection obtained from case 5, as genetic analysis was not possible due to a low viral load. In case 5, although reinfection could not be ascertained through laboratory examinations, it was classified as a presumed reinfection case based on epidemiological data (e.g., contact history with a confirmed case). In case 4, whole-genome sequencing revealed that the specimen from the first infection belonged to clade GH and lineage B.1.497, whereas the specimen from the second specimen was in clade GH but lineage B.1.429 [7], which led to the confirmation of the epsilon variant (ε, California variant). Therefore, as the virus strains of the specimen from the first infection and the specimen from the second infection were different, the case was confirmed as reinfection. In case 3, the whole-genome sequencing analysis

Table 1. Epidemiological and clinical characteristics of presumed reinfection cases

Case	Gender	Age	Confirmed date and symptom		Periods of time after infection	Reference
			Initial infection	Reinfection		
1	Female	20–29	▶March 2020 ▶Cough, sore throat, expectoration	▶April 2020 ▶Cough, phlegm	26 days	Reference [6]
2	Male	20–29	▶June 2020 ▶Cough, phlegm, loss of smell	▶Feb. 2021 ▶Sore throat	241 days	
3	Female	20–29	▶March 2020 ▶Phlegm, muscle pain, dizziness	▶April 2021 ▶Asymptomatic	404 days	
4	Male	10–19	▶Dec. 2020 ▶Asymptomatic	▶May 2021 ▶Asymptomatic	133 days	
5	Male	10–19	▶Dec. 2020 ▶Muscle pain, loss of smell, snot	▶May 2021 ▶Asymptomatic	134 days	

Table 2. Epidemiological and biological results of presumed reinfection cases

	Case 2		Case 3		Case 4		Case 5	
	Initial*	Reinfection	Initial*	Reinfection	Initial	Reinfection	Initial	Reinfection
Clade	–	GH	V (presumed)	GH	GH	GH	GH	ND†
Lineage	–	B.1.497	–	B.1.429	B.1.497	B.1.429	B.1.497	–
Type of variant	–	No variant	No variant	ε	No variant	ε	No variant	–
Result	Presumed reinfection		Reinfection		Reinfection		Presumed reinfection	

* No specimen of initial infection

† Low quality of data due to low viral load

of the specimen from the second infection revealed clade GH, corresponding to the epsilon variant (ε, California variant). Considering that the epsilon variant was first detected in the Republic of Korea in December 2020 [8] and had not been identified at the time of the first infection of case 3 (June 2020), this case was confirmed as reinfection. In case 2, whole-genome sequencing of the second collected specimen confirmed that it belonged to clade GH and lineage B.1.497 and showed a high similarity with a domestic outbreak (a heater factory in Asan, Cheonan). Although a specimen from the first infection was not obtained from case 2, considering that the case was confirmed during the quarantine process (entry from Bangladesh), it was classified as a suspected reinfection case.

Conclusion

Due to the prolonged COVID-19 pandemic and the emergence of variants, the number of reinfection cases is increasing worldwide. In the Republic of Korea, since the first reinfection case was reported in April 2020, four suspected re-infection cases have been identified, two of which were confirmed based on epidemiological and virological data. According to data published abroad, cases of reinfection are often milder than the first infection and recovery is faster [10], and there are differences in the level of immunity against reinfection according to age [11]. Although cases of reinfection continue to be reported worldwide, no results have been published from analyses of possible reinfection cases in the Republic of Korea. Therefore, in consideration of the increased likelihood of reinfection due to the prevalence of variants and prolongation of the pandemic, ongoing monitoring of reinfection cases should be carried out for effective quarantine responses in order to prevent further spread caused by reinfection. Specifically, analyses should investigate the occurrence of additional infections due to reinfection cases, the severity of reinfection, the risk of reinfection by age, and the effect of vaccination on reinfection.

① What was known?

After the first case of reinfection was confirmed in Hong Kong in August 2020, reinfection cases have been reported all over the world. The first case of reinfection was identified in the Republic of Korea in April 2020. With the emergence of variants, concerns about reinfection with variants are growing.

② What is newly learned?

So far, there have been a total of five suspected cases of reinfection in the Republic of Korea. With the exception of one case, which was the first confirmed case of reinfection, four cases underwent whole-genome sequencing. Based on epidemiological data and whole-genome sequencing results, two cases were confirmed as involving reinfection due to exposure to variants, and the other two cases were classified as suspected reinfection cases based on epidemiological information (e.g., history of contact with confirmed cases).

③ What are the implications?

Whole-genome sequencing analysis of the suspected reinfection cases led to confirmation of reinfection based on genetic discordances between the first and specimens from the second infection. Accordingly, it is necessary to examine whether additional quarantine measures for reinfection cases are required through ongoing monitoring of suspected reinfection cases.

This article has been translated from the Public Health Weekly Report (PHWR) volume 14, Number 25, 2021.

Acknowledgment

Conflict of Interest

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

Correspondence to:

Eun-Jin Kim

Laboratory Analysis Team, Laboratory Diagnosis Task Force, Central Disease Control Headquarters, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

ekim@korea.kr, 043-719-8140

Submitted: June 10, 2021; Revised: June 14, 2021; Accepted: June 15, 2021

Reference

1. Kelvin Kai-Wang To et al. COVID-19 re-infection by a phylogenetically distinct SARS-coronavirus-2 strain confirmed by whole genome sequencing. Clin Infect Dis. 2020.8.25.
2. Richard L. Tillett et al. Genomic evidence for reinfection with SARS-CoV-2: a case study. Lancet Infect Dis. 2021.1.21.
3. Nuno R. Faria et al. Genomics and epidemiological of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. Science. 2021.5.21.
4. CDC. Investigation criteria for suspected cases of SARS-CoV-2 reinfection. 2020.10.27.
5. ECDC. Reinfection with SARS-CoV-2: Considerations for public health response. 2020.9.21.
6. Lee JS et al. Evidence of severe acute respiratory syndrome Coronavirus 2 reinfection after recovery from mild coronavirus disease 2019. Clin Infect Dis. 2020.11.21.
7. PANGO Lineages, https://cov-lineages.org
8. Kim IH et al. COVID1-19 variant surveillance study in the Republic of Korea. Public Health Weekly Report. 2021.3.25.
9. Past COVID-19 infection provides some immunity but people may still carry and transmit virus. Public Health England. 2021.1.14.
10. West J et al. A case of COVID-19 reinfection in the UK. Clinical Medicine 2021. Vol. 21. No 1:e52-53.

11. Hansen CH et al. Assessment of protection against reinfection with SARS-CoV-2 among 4 million PCR-tested individuals in Denmark in 2020: a population-level observational study. Lancet. 2021.3.17.

건강이슈

항생제 내성 예방 · 관리의 중요성

질병관리청 의료안전예방국 항생제내성관리과 **김남이, 주수영**

항생제란 세균의 번식을 억제하거나 죽여서 세균 감염을 치료하는 데 사용되는 약물로, 1928년 8월 영국의 의학자 알렉산더 플레밍(Alexander Fleming, 1881~1955)이 페니실린(penicillin)이라는 항생 물질을 발견한 것이 인류의 첫 항생제이다. 1941년 페니실린이 상용화되고 다른 항생제가 개발되면서 감염질환으로 인한 사망이 극적으로 줄어들었고 인간의 평균 수명도 크게 향상되었다. 그러나 항생제 사용과 함께 항생제 내성(Antimicrobial Resistance, AMR)을 보이는 세균이 발견되었고 항생제 과다 사용 및 오남용으로 내성률이 증가하면서 항생제에 효과가 없는 항생제 이후의 시대에 대한 우려까지 제기되는 상황에 이르렀다. 이에 세계보건기구(World Health Organization, WHO)는 항생제 내성은 인류의 생명을 위협하는 매우 중요한 보건상의 위기라고 선언하였고, 2015년 국제적 행동계획(Global Action Plan)을 제시하며 각 국가별 대책 마련과 국제적 공조를 강력히 촉구하였다. 항생제 내성에 적절히 대응하지 못 할 경우 2050년에는 전 세계적으로 연간 1,000만 명이 사망할 것이며, 이는 암으로 인한 사망자수(820만 명)를 넘어설 것이라고 경고하였다[1].

세균의 항생제에 대한 내성은 선천적으로 가지고 있는 내재적 내성과 유전자 돌연변이나 내성유전자의 수평전달에 의해 나타나는 획득 내성으로 구분할 수 있다. 항생제 내성을 예방하고 관리하기 위해서는 항생제 오남용으로 항생제 내성이 발생하는 경우와 내성균·유전자가 전파되어 항생제 내성이 전달되는 경우에 대한 적극적인 개입이 필요하다. 국내에서도 항생제 내성 문제를 해결하기 위해 2016년 8월, '제1기 국가 항생제 내성 관리대책(2016~2020)'을 수립하여 항생제 내성균 감시체계 구축, 항생제 사용(처방) 지침 및 지침 앱(application)·웹사이트 개발, 항생제 사용에 대한 인식 변화를 위한 홍보·캠페인, 다양한 평가·연구 등을 추진하였다. 또한, 내성균은 사람 외에 농축수산, 식품, 환경 등 생태계 내 다양한 경로를 통해 발생·전파가 가능하므로 'One Health' 가치 아래 항생제 내성 해결을 위해 관계 부처(농림부, 해수부, 환경부, 식약처)에서도 관련 사업을 실시하고 있다.

이러한 노력에도 불구하고, 아직은 항생제 사용과 내성은 개선되지 않고 있다. 2018년 항생제(전신성 항균물질, J01) 총 사용량은 29.8 DDD/1,000 Inhabitants/Day (DID)로 이는 OECD 평균(18.1 DID)보다 항생제 사용이 높은 수준이며, 광범위 항생제는 증가하는 추세이며, 2018년 국내 20개 의료기관 (상급종합병원 10개, 종합병원 9개, 요양병원1개)을 대상으로 입원, 외래, 응급실에서 처방한 항생제 중 27.7%가 부적절처방[1]이었다. 2007년(KARMS) 및 2019년 국가 항생제 내성 감시체계(Kor-GLASS)의 내성균 비교분석 결과, 종합병원 기준으로 Methicillin-Resistant *Staphlyococcus aureus* (MRSA)는 67.0%에서 48.6%로 감소하였으나, 이는 여전히 고소득 국가 중 1위 수치이며, 요양병원 MRSA는 79.1%(2007년), 86.0%(2019년)로 개선되지 않고 있다. Cefotaxime-Resistant Extended-Spectrum β-lactamase *Escherichia coli*는 13.0%에서 37.1%로, Vancomycin-Resistant *Enterococcus faecium* (VRE)은 26.0%에서 40.9%로, Carbapenem-Resistant *Acinetobacter baumannii* (CR-AB)는 33.5%에서 90.3%로 가파르게 증가하였고, Carbapenem-Resistant *Pseudomonas Aeruginosa* (CR-PA)는 21.0%에서 25.8%로 꾸준히 증가하는 경향을 보였다[2]. 법적 전수조사 보고에 따르면, Carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) 감염증의 경우는 2010년 12월 법정감염병으로 지정 신고된 후 2017년(6월~12월) 5,717건, 2018년 11,954건, 2019년 15,369건으로 매년 증가하고 있다.

1) 항생제 적정사용을 위한 스튜어드쉽 프로그램 활성화 방안 연구(2018년)

미국 질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention, CDC)는 불필요한 항생제 사용을 줄이기 위하여 2014년 '항생제 스튜어드십 프로그램(Antimicrobial Stewardship Program)' 일곱 가지 핵심 전략(seven core elements)을 제시하여, 2020년까지 항생제 스튜어십 전국 적용을 목표로 두고 추진하였다. 그 결과, 가장 최신에 발표된 2019년 기준 미국의 항생제 스튜어드십 프로그램 적용 현황을 살펴보면 총 4,957개소의 88.9%(4,409개소)가 7대 핵심 요소를 모두 충족시키고 있는 것으로 확인되었다. 미국에서는 항생제 스튜어드십 프로그램 적용 후 2013년에 비해 항생제 내성균 감염으로 사망하는 23,000명 중 18% 감소, 병원 내 사망률 28%를 줄였으며, Vancomycin-Resistant *Enterococcus* 41%, Mutidrug-Resistant *Pseudomonas Aeruginosa* 29%, Methicillin-Resistant *Staphlyococcus aureus* 21%, Carbapenem-Resistant *Acinetobacter* 33%, Drug-Resistant *Candida* 25%가 줄었다[3]. 항생제 스튜어드십 프로그램은 미국 Center for Medicare and Medicare Services (CMS)의 필수 요건이며, 의료기관 인증평가(Joint Commission International) 항목에 항생제 스튜어드십 프로그램을 넣어 운영하고 있으며, 항생제 사용 가이드라인, 적절한 항생제 사용을 위한 임상의사결정지원시스템(Clinical Decision Supporting System for Appropriate Antibiotic Use), 제한항생제 승인제도, 항생제 사용실태 분석(Drug Use Evaluation), 항생제 내성현황 모니터링, 교육 및 감염관리 등의 다양한 활동들이 추진되고 있다.

국내에서도 국가적 차원에서 항생제 사용량 감시체계를 구축하고 의료기관의 항생제 사용을 관리하기 위한 적극적인 노력이 필요하다는 의견이 지속적으로 제기되어 관련 연구와 검토가 진행되고 있다. 세계보건기구(WHO)의 표어처럼 "항생제를 쓸 수 있는 시간이 바닥나고 있다(Our time with antibiotics is running out)". 하지만 한 가지 중요한 것은 항생제 내성은 예상하지 못하는 위협으로 나타나는 것이 아닌, 인간의 노력으로 미리 그 위험을 감소시킬 수 있다는 것이다. 올해 '제2기 국가 항생제 내성관리 대책' 수립이 진행 중이다. 제2기 대책을 통하여 항생제 사용을 실질적으로 개선 및 항생제 내성을 감소시킬 수 있는 주요 정책이 마련되고, 항생제 사용에 대한 경각심과 인식 개선을 불러일으킬 수 있기를 바란다. 또한 무엇보다도 점점 더 심각해지고 있는 항생제 내성균의 위협에 대응하기 위해서는 정부-학계-의료기관이 함께 다각적인 노력이 필요할 것이다.

참고문헌

1. Jim O'Neill. Antimicrobial Resistance: Tackling a crisis for the health and wealth of nations. Review on Antimicrobial Resistance. 2014.
2. 질병관리청. 2019 국가 항균제 내성균 조사 연보. 2021.
3. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Antibiotic Resistance Threats in the United States. 2019.

역학 · 관리보고서 1

2016~2019년 국내 종합병원 분리 주요 세균의 항생제 내성률 추이(Kor-GLASS)

질병관리청 국립보건연구원 국립감염병연구소 감염병연구센터 약제내성연구과 **김정욱, 배송미, 이성영, 유정식***
질병관리청 의료안전예방국 항생제내성관리과 **주수영**
Kor-GLASS group

* 교신저자 : jungsiku@korea.kr, 043-719-8240

초 록

2016년부터 2019년까지 국내 다제내성균 조사체계(Global Antimicrobial Resistance Surveillance System in Korea, Kor-GLASS)를 통해 수집된 종합병원 분리 주요 내성균의 항생제 내성 현황 및 역학적 특성에 대해 분석하였다. Kor-GLASS를 통해 총 47,906주가 수집되어 항생제 감수성 및 내성 유전자 검사를 수행하였다. *E. coli*(33,420주), *K. pneumoniae*(7,209주), *S. aureus*(2,532주), *Enterococcus* spp.(1,661주), *Acinetobater* spp.(876주), *Salmonella* spp.(738주), *C. difficile*(715), *P. aeruginosa*(590주), *S. pneumoniae*(161주), *Shigella* spp.(3주), *N. gonorrhoeae*(1주)가 수집되었다. 균종에 따른 성별 분포는 대부분의 균종에서 남성의 비율이 높았고, 혈액 또는 요 분리 *E. coli,* 요 분리 *K. pneumoniae, C. difficile*에서는 여성의 비율이 높았다. 연령 분포는 *S. pneumoniae* 및 *Salmonella* spp.를 제외한 모든 균종에서 65세 이상 노년층에서 비율이 높았다. 장내세균속균종은 지역사회감염 유래가 대부분을 차지한 반면, *Acinetobacter* spp.(86.9%, 761/876), *E. faecium*(78.4%, 792/1,010), *E. faecalis*(59%, 384/651), *C. difficile*(64.8%, 463/715)은 병원감염 유래 균주의 비율이 높았다. MRSA 비율은 2016년 53.5%에서 2019년 48.6%로 점차 감소하는 추세를 보인 반면, VRE는 2016년 29.9%에서 2019년 40.9%로 점차 증가하는 양상을 보였다. ESBL 생성을 의심할 수 있는 cefotaxime에 대한 내성률은 혈액 분리 *E. coli*에서 2016년 35.4%였으나 2019년에는 37.1%로 서서히 증가하였으며, 요 분리 *E. coli* 및 *K. pneumoniae*에서도 증가하는 양상을 보였다. Cefotaxime 내성균 대부분은 CTX-M형 ESBL 유전자를 가지고 있었다. ESBL 생성균에 의한 감염에서 사용할 수 있는 carbapenem계열 항생제에 대한 내성률은 *E. coli* 및 *K. pneumoniae, Salmonella* spp.와 같은 장내세균속균종의 경우 2% 이하로 낮은 수준이었으나 *P. aeruginosa* 및 *A. baumannii*는 2019년 내성률이 각각 23.6% 및 90.3%로 확인되었다.

Kor-GLASS는 연간 1만 주 이상의 병원체를 수집·분석함으로써 국내 항생제 내성균에 대한 의료기관 내 발생률과 지역사회 발생률, 성별 및 연령별 내성률 등 정확한 내성실태 파악이 가능한 조사로 신뢰성 있는 결과를 산출함으로써 항생제 내성 극복을 위한 기초자료를 제공할 수 있다.

주요 검색어 : 항생제 내성, 다제내성균 조사체계(GLASS), Kor-GLASS, MRSA, VRE, CRE, ESBL

들어가는 말

항생제 내성은 전 세계 보건에 가장 큰 위협 중 하나이며, 높은 이환율 및 장기 입원에 따른 생산성 저하로 의료비 및 사회적 비용을 증가시켜 의료 및 사회경제적 측면에서 큰 부담이 되고 있다. 2014년 O'Neill 등은 "항생제 내성균의 확산이 지구온난화보다 시급한 위협요인으로 떠올랐다"며 이를 해결하지 못한다면 2050년에는 연간 1,000만 명이 사망하고, 세계 GDP의 3.5%에 달하는 100조 달러의 경제적 비용이 발생할 것으로 예측하였다[1].

세계보건기구(World Health Organization, WHO)는 2015년 제68차 세계보건총회에서 항생제 내성이 인류 보건에 심각한 위협이 된다는 세계적 합의를 반영하여 국제적인 대응을 촉구하는

항생제 내성 행동계획(Global Action Plan on Antimicrobial Resistance)을 채택하였다. 한편, 전 세계 항생제 내성 현황을 모니터링하여 신속 대응체계를 갖추기 위해 국제적으로 표준화된 항생제 내성 감시체계인 GLASS(Global Antimicrobial Surveillance System)를 도입하였다. GLASS는 대표성(Representativeness), 전문화(Specialization), 표준화(Harmonization), 지역화(Localization)의 4가지 원칙에 따라 국가별 항생제 내성 정보를 수집·분석하고, 이를 성별, 연령, 감염 유래 등과 같은 임상 정보와 연계하여 해당 지역 내 내성균이 미치는 영향을 분석할 수 있는 수준 높은 감시체계 방식을 채택하고 있다.

우리나라는 2016년 5월에 WHO GLASS 기준에 부합할 뿐 아니라 국내 실정을 반영하여 국내 다제내성균 조사체계(Global Antimicrobial Resistance Surveillance System in Korea, Kor-GLASS)를 구축하였다[2, 3]. 본 체계는 국가조정센터(National Coordinating Centre, NCC), 국가표준실험실(National Reference Laboratory, NRL), 수집센터(Sentinel site), 분석센터(Analysis center), 시험관리센터(Quality control center)로 구성하였고, 2016년 6개 권역을 대상으로 감시를 시작해서 2017년부터는 8개 권역으로 확대해서 운영하고 있다(그림 1). 현재 8개의 수집센터(종합병원), 5개의 분석센터 및 1개의 시험관리센터로 총 14개의 센터를 운영하고 있다. 감시 대상 병원체는 총 12종이며, WHO GLASS 감시 대상 병원체 8종과 국내 법정감염병으로 지정된 병원체 3종 등을 포함하였다. WHO GLASS가 제시한 가이드라인에 따라 혈액, 요, 대변, 요도 또는 자궁경부 도말 등 대상 검체로부터 우선 순위 대상 병원체를 전수조사(중복균주 제외)하고 있다.

본 보고서에서는 2016년 5월부터 2019년 12월까지 Kor-GLASS를 통해 수집된 종합병원 분리 주요 병원체의 항생제 내성 현황 및 역학적 특성을 분석하여 항생제 내성 관리에 활용할 수 있는 근거자료를 마련하고자 하였다.

몸 말

1. 연구방법

가. 균주 및 임상정보 수집

수집센터는 전국 권역별 1개의 종합병원으로 2016년 6개, 2017~2019년 8개로 구성되었으며, 매년 지정 검체로부터 중복균주를 제외한 대상 병원체 전수를 수집하였다(표 1). 대상 병원체는 12균종으로 *Staphylococcus aureus, Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Streptococcus pneumoniae, Clostridioides difficile, Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, Salmonella species, Shigella species, Pseudomonas aeruginosa, Acinetobacter species, Neisseria gonorrhoeae*가 포함되었다.

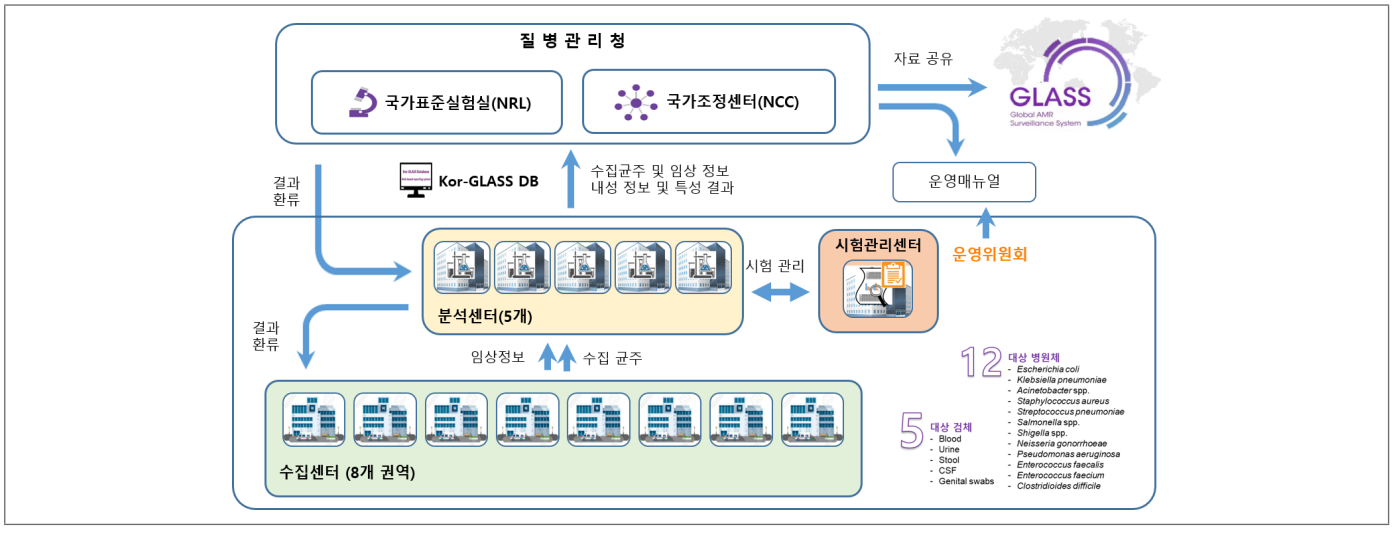


그림 1. 2019년 국내 다제내성균 조사체계(Kor-GLASS)

임상정보는 연령, 성별, 감염유래(지역사회 및 병원감염) 등 28개 항목을 수집하였다. 지역사회감염 유래(community origin, CO)는 2일 이하 입원한 환자 또는 외래환자를 통해 얻은 검체, 병원감염 유래(hospital origin, HO)는 3일 이상 입원한 환자 또는 다른 병원에서 2일 이상 입원·치료 후 전원된 환자 검체에서 분리된 경우로 정의하였다[4].

나. 균종 동정, 항생제 감수성 시험 및 내성 유전자 검사

수집된 모든 병원체는 Kor-GLASS 운영매뉴얼에 따라 표준화된 방법으로 균종의 동정, 항생제 감수성 시험과 내성 유전자 검사를 수행하였다. 각 균종의 동정, 항생제 감수성 시험 및 유전자 검사는 균종별 지정된 분석센터에서 실시되었다. 대상 균주는 Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time Of Flight mass spectrometry (MALDI-TOF)를 이용하여 동정하였고, 일부 *Acinetobacter* 균종의 경우는 16S rRNA 또는 *rpoB* 유전자 염기서열분석을 통해 확인하였다. 항생제 감수성 시험은 균종 및 항생제 종류에 따라 디스크확산법 이나 E-test, 액체배지미량희석법 및 한천배지희석법을 이용한 최소억제농도(Minimum Inhibitory Concentration, MIC)를 확인하였으며, 시험결과는 Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) 등의 기준에 따라 판정하였다[5]. 3가지 계열 이상의 항생제에 내성인 경우는 다제내성(Multi-Drug Resistance, MDR), 1~2가지 계열을 제외한 모든 항생제에 내성인 경우는 광범위내성(Extensively Drug Resistance, XDR), 모든 계열의 항생제에 내성인 경우는 극한 광범위내성(Pandrug Resistance, PDR)으로 분류하였다[6]. 모든 시험결과의 신뢰성 확보를 위해 시험관리센터는 매월 무작위로 일부 수집주를 선정하여 내부시험관리를 실시하였고, 정기적으로 참여기관을 대상으로 외부시험관리를 실시하였다. Kor-GLASS에서 확보되는 모든 임상정보 및 병원체의 시험 결과, 특성 분석 결과, 시험관리 결과 등은 웹 기반의 Kor-GLASS 데이터베이스를 통해 관리되고 있다.

2. 연구결과

가. 배양 검사 의뢰 결과

2016년부터 2019년까지 혈액, 요, 대변, 비뇨생식기 배양 검사 건수는 각각 303,928건, 286,951건, 50,513건, 17,608건이었다. 혈액 및 요 배양 검사의 연령별 분포를 보았을 때, 1~4세군 이후부터 15~24세군까지 감소하다가 25~34세군부터 75~84세군까지 증가하는 추세를 보였다. 전반적으로 지역사회감염 유래가 우세하지만 연령이 증가할수록 병원감염 유래가 증가하였다. 대변 배양 검사 건수는 25~34세군에서 가장 낮았으며, 그 이후

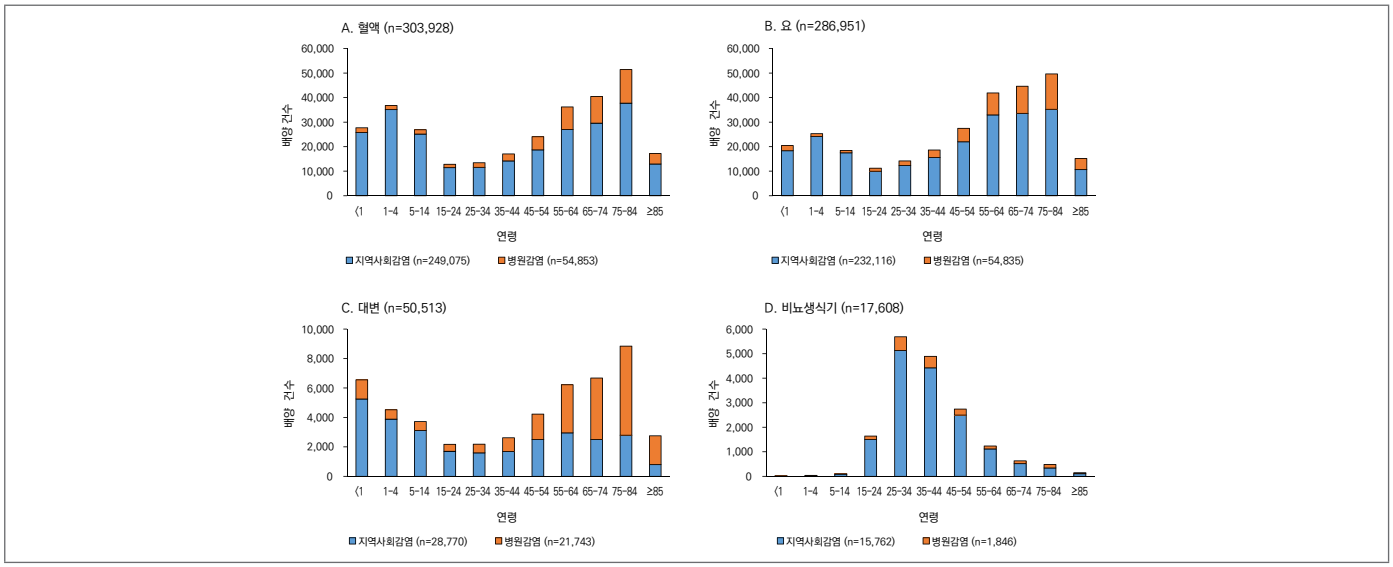


그림 2. 연령별 혈액(A), 요(B), 대변(C), 비뇨생식기(D) 배양 검사 건수

연령군에서 점차 증가하여 75~84세군에서 8,845건으로 가장 많았다. 임균 분리를 목적으로 한 비뇨생식기 배양 검사 건수는 25~34세군에서 5,691건으로 가장 많았으며, 35~44세군에서 4,890건, 45~54세군에서 2,740건으로 확인되었고, 연령이 증가할수록 감소하였다(그림 2).

나. 수집 균주 현황

전체 혈액배양 검사 303,928건 중 분리된 감시 대상 병원체는 총 15,116주(5.0%)였다. 혈액 분리주 중 *E. coli*(6,547주, 43.3%)가 가장 우세한 균종으로 확인되었고, *K. pneumoniae*(2,536주, 16.8%), *S. aureus*(2,532주, 16.7%), *E. faecium*(1,010주, 6.7%), *Acinetobacter* spp.(876주, 5.8%), *P. aeruginosa*(590주, 3.9%) 순으로 확인되었다. 요 배양 검사 286,951건 중 *E. coli* 및 *K. pneumoniae*는 각각 26,873주(9.4%), 4,673주(1.6%)로 확인되었다(표 1). 혈액 및 대변 분리 *Shigella* spp. 및 비뇨생식기(요도 및 자궁경부) 분리 *N. gonorrhoeae*는 각각 3주 및 1주로 매우 드물게 분리되었다.

대부분의 균종은 남성에서 분리된 경우가 많았으나, 혈액 또는 요 분리 *E. coli*와 요 분리 *K. pneumoniae*는 상대적으로 여성에서 분리된 경우가 더 많았다(그림 3A). 연령 분포는 *S. pneumoniae* 및 *Salmonella* spp.를 제외한 모든 균종에서 65세 이상 노년층에서 분리율이 높았다(그림 3B). 장내세균속균종인 *E. coli*(82.1% 27,427주/33,420주), *K. pneumoniae*(66.3%, 77주/7,209주), *Salmonella* spp.(93.2%, 688주/738주)는 지역사회감염 유래가 대부분을 차지한 반면, *Acinetobacter* spp.(86.9%, 761주/876주), *E. faecium*(78.4%, 792주/1,010주), *E. faecalis*(59%, 384주/651주), *C. difficile*(64.8%, 463주/715주)은 병원감염 유래 균주의 비율이 높았다(그림 3C).

다. 주요 내성균의 항생제 내성 현황

1) 그람양성균

가) *Staphylococcus aureus*

혈액 분리 *S. aureus* 중 cefoxitin에 내성을 나타내는 메티실린 내성 황색포도알균(methicillin –resistant *S. aureus*, MRSA)의 비율은 2016년 53.5%, 2017년 53.2%, 2018년 47.1%, 2019년 48.6%로 점차 감소하는 추세를 보였다(표 2). 모든 MRSA는 *mecA* 유전자를 가지고 있었고, staphylococcal cassette *mec* (SCC*mec*) 유형 분석 결과 SCC*mec* II형의 비율은 매년 서서히 감소(56.7% → 49.5% → 48% → 42.2%)하는 반면 SCC*mec* IV형은 증가(40.9% → 48.9% → 48.6% → 55.7%)하였다. Quinupritin–dalfopristin, trimethoprim–

표 1. 검체에 따른 균종별 분리 건수, 2016~2019

검체	균종	2016년 (n=7,877)	2017년 (n=13,440)	2018년 (n=13,262)	2019년 (n=13,327)	총계
혈액	*Staphylococcus aureus*	398	708	743	683	2,532
	Enterococcus faecalis	116	175	181	651	651
	Enterococcus faecium	137	288	277	308	1,010
	Streptococcus pneumoniae	15	54	48	36	153
	Clostridioides difficile	–	–	1	28	29
	Escherichia coli	1,112	1,772	1,724	1,939	6,547
	Klebsiella pneumoniae	426	693	701	716	2,536
	Salmonella spp.	35	56	55	47	192
	Shigella spp.	0	0	0	0	0
	Pseudomonas aeruginosa	102	149	157	182	590
	Acinetobacter baumannii	131	203	210	187	731
	non-baumannii Acinetobacter	38	32	37	38	145
요	*Escherichia coli*	4,474	7,874	7,255	7,270	26,873
	Klebsiella pneumoniae	823	1,256	1,299	1,295	4,673
대변	*Salmonella* spp.	71	172	163	140	546
	Shigella spp.	0	1	2	0	3
	Clostridioides difficile	–	–	409	277	686
비뇨생식기	*Neisseria gonorrhoeae*	0	1	0	0	1
뇌척수액	*Streptococcus pneumoniae*	0	6	2	0	8

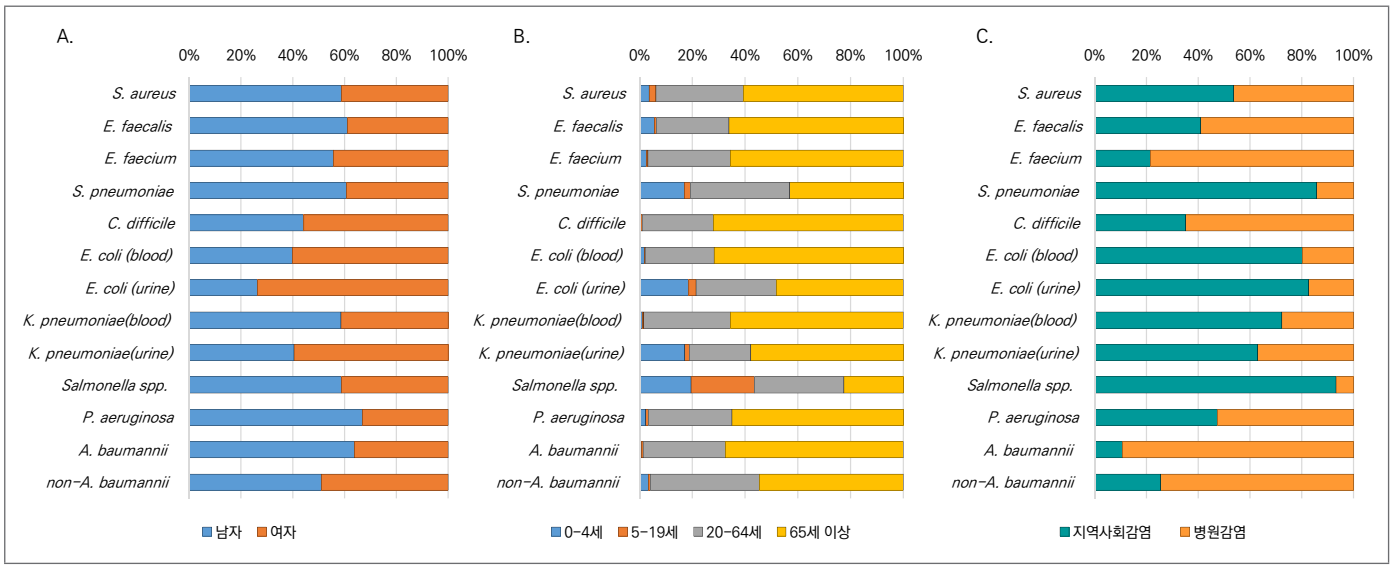


그림 3. 균종에 따른 성별(A), 연령(B), 감염유래(C) 분포

sulfamethoxazole, tigecycline 내성률은 5% 미만이었고, 모든 *S. aureus* 균주는 vancomycin, teicoplanin, linezolid에 감수성을 보였다. 2016년부터 2019년까지 분리된 *S. aureus* 2,532주 중 MRSA를 포함하는 MDR 비율은 50.3%로 확인되었다(그림 4).

나) *Enterococcus faecalis*

혈액 분리 *E. faecalis*는 대부분 ampicillin에 감수성이었으나, 2016년 0.0%, 2017년 0.6%, 2018년 1.7%, 2019년 5.5%로 매년 꾸준히 증가하는 추세를 보였다. Vancomycin 내성은 2019년 1.7%로 낮은 수준이나 2018년 0.8%에 비해 증가하였다. *E. faecalis* 혈류감염 치료에 흔히 사용되는 high-level gentamicin, high-level streptomycin의 2019년 내성률은 각각 22.1%, 6.6%로 2018년 보다 다소 증가 또는 감소하였다(표 2). 3가지 계열 이상 항생제에 내성인 MDR은 31.8%(207주/651주)로 확인되었다(그림 4).

다) *Enterococcus faecium*

혈액 분리 *E. faecium*의 ampicillin 내성률은 2016년 90.5%, 2017년 89.6%, 2018년 91.0%, 2019년 90.3%로 매우 높은 수준이었다. 반코마이신 내성 장알균(vancomycin-resistant *E. faecium*, VRE)은 2016년 29.9%, 2017년 34.0%, 2018년 39.4%, 2019년 40.9%로 점차 증가하였으며, 모두 *van*A형으로 확인되었다. VRE 감염 치료에 흔히 사용되는 항생제인 linezolid에 대한 내성균은 확인되지 않았으나, quinupritin-dalfopristin 내성균은 2016년 8.8%, 2017년 3.1%, 2018년 6.1%, 2019년 8.4%로 지속적으로 확인되고 있다(표 2). 3가지 계열 이상 항생제에 내성인 MDR은 56.3%(569주/1,010주)로 확인되었다(그림 4).

라) *Streptococcus pneumoniae*

혈액 분리 *S. pneumoniae*에서 penicillin, cefotaxime, ceftriaxone 내성률은 비교적 낮게 유지되고 있으나 erythromycin 내성률은 2016년 80.0%, 2017년 75.9%, 2018년 77.1%, 2019년 83.3%로 매우 높은 양상을 보였다(표 2).

마) *Clostridioides difficile*

*C. difficicle*은 2018년부터 2개 수집센터로부터 수집되고 있다. *C. difficile* 감염 치료 항생제인 metronidazole과 vancomycin에 대한 내성 균주는 확인되지 않았다. 다만 보조요법으로 사용되는 rifaximin에 대한 내성률은 2019년 13.1%였다. Moxifloxacin에 대한 내성률은 39.3%, 베타락탐계열인 ampicillin, cefotetan, imipenem에 대한 내성률은 각각 20.0%, 25.9%, 48.2%로 비교적 높았다(표 2).

2) 장내세균속균종(*Enterobacterales*)

가) *Escherichia coli*

혈액 및 요 분리 *E. coli*의 내성률은 거의 유사하였다. 2016~2019년 동안 혈액 분리 *E. coli*의 ampicillin 내성률은 65.2%~68.0%를 보였다. 3세대 cephalosporin계열 항생제인 cefotaxime에 대한 내성률은 2016년 35.4%에서 2019년에는 37.1%로 증가하였다(표 3). ESBL(Extended-Spectrum Beta-Lactamase) 유전자는 CTX-M-1형(CTX-M-15, CTX-M-55, CTX-M-3)과 CTX-M-9형(CTX-M-14, CTX-M-27)이 흔하게 확인되었다. Carbapenem계열 항생제인 imipenem에 대한 내성률은 1% 미만으로 매우 낮았으며, carbapenem 내성균 치료에 사용될 수

표 2. 국내 종합병원에서 분리된 주요 그람양성균의 항생제 내성현황, 2016~2019

균종	항생제 종류	2016년		2017년		2018년		2019년	
		균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)
Staphylococcus aureus (혈액, n=2,532)	Cefoxitin	398	53.5	708	53.2	743	47.1	683	48.6
	Erythromycin		42.0		38.7		35.3		35.1
	Clindamycin		28.4		24.7		20.9		19.0
	Mupirocin		8.0		8.1		12.0		13.3
	Quin-Dalf		1.8		0.7		0.1		0.3
	Trim-Sulf		1.3		0.1		0.7		1.2
	Vancomycin		0		0		0		0
	Teicoplanin		0		0		0		0
	Linezolid		0		0		0		0
	Tigecycline		1.8		0.4		4.4		5.0
Enterococcus faecalis (혈액, n=651)	Ampicillin	116	0	175	0.6	179	1.7	181	5.5
	Ciprofloxacin		33.6		41.1		39.7		35.4
	Gentimicin-HL		25.9		26.9		29.6		22.1
	Streptomycin-HL		7.8		6.3		5.6		6.6
	Tetracycline		70.7		73.7		74.9		68.5
	Vancomycin		0		0.6		0.6		1.7
	Teicoplanin		0		0.6		0.6		1.7
	Linezolid		0		1.1		0		1.7
	Tigecycline		0		0		0		0
Enterococcus faecium (혈액, n=1,010)	Ampicillin	137	90.5	288	89.6	277	91.0	308	90.3
	Ciprofloxacin		90.5		89.9		90.3		90.8
	Gentimicin-HL		21.2		18.1		21.3		23.7
	Streptomycin-HL		3.6		1.0		0		0.6
	Tetracycline		11.7		14.9		15.9		12.0
	Quin-Dalf		8.8		3.1		6.1		8.4
	Vancomycin		29.9		34.0		39.4		40.9
	Teicoplanin		20.4		18.8		27.1		34.7
	Linezolid		0.7		0		0		0
	Tigecycline		0		0.3		0		0
Streptococcus pneumoniae (혈액, n=153)	Penicillin	15	0	54	9.3	48	8.3	36	2.8
	Amox-Clav		6.7		18.5		25.0		27.8
	Cefotaxime		0		1.9		6.3		2.8
	Ceftriaxone		0		1.9		10.4		2.8
	Cefuroxime		60.0		68.5		66.7		72.2
	Erythromycin		80.0		75.9		77.1		83.3
	Levofloxacin		0		3.7		2.1		2.8
	Trim-Sulf		26.7		31.5		27.1		25.0
Clostridioides difficile (대변, n=715)	Ampicillin	–	–	–	–	410	11.5	305	20.0
	Cefotetan		–		–		33.2		25.9
	Imipenem		–		–		44.1		48.2
	Clindamycin		–		–		68.3		70.5
	Chloramphenicol		–		–		1.2		0.7
	Tetracycline		–		–		16.6		14.4
	Rifaximin		–		–		16.8		13.1
	Moxifloxacin		–		–		44.4		39.3
	Vancomycin		–		–		0		0
	Metronidazole		–		–		0		0

*약어: Quin-Dalf: quinupristin-dalfopristin; Trim-Sulf: trimethoprim-sulfamethoxazole; Gentimicin-HL: High-level gentimicin; Streptomycin-HL: High-level streptomycin; Amox-Clav: amoxicillin-clavulanic acid

표 3. 국내 종합병원에서 분리된 주요 장내세균속균종 항생제 내성현황, 2016~2019

균종	항생제 종류	2016년		2017년		2018년		2019년	
		균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)
Escherichia coli (혈액, n=6,547)	Ampicillin	1,112	65.2	1,772	65.3	1,724	68.0	1,939	67.5
	Amp-Sulb		24.3		28.9		29.3		22.0
	Cefotaxime		35.4		32.4		38.6		37.1
	Ceftazidime		11.3		11.8		12.7		10.2
	Cefefime		21.4		20.3		24.8		20.2
	Aztreonam		21.2		20.8		24.6		20.0
	Imipenem		0.1		0.2		0.1		0.2
	Gentamicin		29.6		26.6		27.1		26.36
	Ciprofloxacin		39.4		35.8		42.7		41.1
	Tigecycline		0.2		0.1		0		0.1
	Colistin		0.1		0.2		0.1		0
Escherichia coli (요, n=26,873)	Ampicillin	4,474	69.3	7,874	68.8	7,255	69.6	7,270	71.7
	Amp-Sulb		25.3		29.8		27.7		22.2
	Cefotaxime		31.6		31.3		33.2		37.5
	Ceftazidime		9.9		10.3		10.2		9.8
	Cefefime		17.7		17.6		18.1		18.3
	Aztreonam		17.4		17.9		18.4		17.9
	Imipenem		0		0		0.1		0.1
	Gentamicin		30.9		27.1		27.4		28.9
	Ciprofloxacin		44.5		40.9		40.7		45.0
	Tigecycline		0.1		0.1		0.1		0.02
	Colistin		0.2		0.2		0.1		0.03
Klebsiella pneumoniae (혈액, n=2,536)	Piperacillin	426	29.8	693	28.9	701	31.0	716	29.6
	Amp-Sulb		24.2		27.0		26.1		20.5
	Cefotaxime		27.0		26.1		27.1		24.9
	Ceftazidime		20.0		21.2		20.7		16.8
	Cefefime		19.5		20.6		20.5		17.0
	Aztreonam		22.8		23.4		24.0		19.8
	Imipenem		1.6		0.7		1.4		1.0
	Gentamicin		13.8		12.0		14.8		12.8
	Ciprofloxacin		20.2		18.9		22.7		17.6
	Tigecycline		1.4		0.6		2.1		2.1
	Colistin		0.7		0.6		0.4		1.0
Klebsiella pneumoniae (요, n=4,673)	Piperacillin	823	45.1	1,256	45.0	1,299	19.1	1,295	48.0
	Amp-Sulb		36.6		39.9		41.3		37.5
	Cefotaxime		39.7		39.0		41.8		41.8
	Ceftazidime		28.9		28.8		28.1		25.8
	Cefefime		27.5		26.6		27.9		26.9
	Aztreonam		31.5		32.1		9.9		9.0
	Imipenem		0.5		1.4		0.6		1.2
	Gentamicin		19.8		22.3		21.7		25.8
	Ciprofloxacin		32.8		31.9		32.5		31.9
	Tigecycline		2.6		1.4		2.2		4.6
	Colistin		0.9		0.7		0.9		1.0
Salmonella species (대변, n=546)	Cefotaxime	105	3.8	228	7.9	218	7.8	187	8.0
	Ceftazidime		2.9		6.1		6.9		7.5
	Imipenem		0		0		0		0
	Azithromycin		1.0		0.4		2.3		1.1
	Ciprofloxacijn		0		3.0		3.2		4.3

* 약어: Amp-Sulb: ampicillin-sulbactam

있는 tigecycline 및 colistin에 대한 내성률도 1% 미만으로 낮았다. 혈액 및 요 분리 *E. coli*의 MDR 비율은 각각 50.0%, 52.8%였으며, 이중 6가지 이상 계열의 항생제에 내성을 보이는 비율도 17.0%, 14.6%로 확인되었다(그림 4).

나) *Klebsiella pneumoniae*

전반적으로 요 분리주가 혈액 분리주보다 항생제 내성률이 높았다. Cefotaxime, ceftazidime, cefefime에 대한 내성률은 매년 비슷한 수준을 보였는데, 2019년 혈액 분리주는 24.9%, 16.8%, 17.0%였고, 요 분리주는 41.8%, 25.8%, 26.9%로 확인되었다(표 3). Cefotaxime 내성 균주의 98.8%(2,533주/2,565주)가 MDR이었고, XDR로 의심되는 균주가 12주(0.4%) 확인되었다(그림 3). Carbapenem계열 항생제 내성률은 다소 증가하는 경향을 보였으며, 40여 년 전 개발되어 사용되었으나 부작용으로 생산이 중단되었다가 최근 다제내성 그람음성균 감염이 증가하면서 재사용하기 시작한 colistin에 대한 내성률은 1% 이하로 낮았다(표 3).

다) *Salmonella species*

혈액 분리 *Salmonella species*의 cefotaxime 내성률은 2016년 2.9%(1주/35주), 2017년 3.6%(2주/56주), 2018년 3.6%(2주/55주), 2019년 6.4%(3주/47주)로 확인되었다. 대변 분리주의 경우는 2016년 3.8%(4주/105주), 2017년 7.9%(18주/228주), 2018년

표 4. 국내 종합병원에서 분리된 주요 비발효성그람음성간균의 항생제 내성현황, 2016~2019

균종	항생제 종류	2016		2017		2018		2019	
		균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)	균주수	내성률(%)
Pseudomonas aeruginosa (혈액, n=590)	Piperacillin	102	11.8	149	14.1	157	12.1	182	11.0
	Pip-Tazob		9.8		12.1		8.9		9.9
	Ceftazidime		9.8		14.1		12.7		12.6
	Cefepime		11.8		10.7		13.4		14.3
	Imipenem		17.6		19.5		17.8		25.8
	Meropenem		14.7		18.1		24.2		23.6
	Amikacin		6.9		5.4		7.6		14.8
	Gentimicin		10.8		8.7		12.1		17.0
	Ciprofloxacin		15.7		15.4		20.4		20.3
	Colistin		0		0		0		0
Acinetobacter baumannii (혈액, n=731)	Piperacillin	131	88.5	203	93.1	210	89.5	187	90.8
	Amp-Sulb		71.0		81.3		76.2		77.8
	Cefazidime		84.7		87.7		86.7		90.8
	Cefepime		87.8		92.6		90.5		91.4
	Imipenem		87.8		92.1		89.0		90.3
	Meropenem		87.8		92.1		89.0		90.3
	Gentamicin		69.5		75.9		66.7		76.2
	Ciprofloxacin		88.5		92.1		90.5		90.8
	Minocycline		1.5		2.0		0.5		12.2
	Tigecycline		3.8		5.4		2.9		16.8
	Colisin		0.8		0		0		0.5
Non-baumannii Acinetobacter (혈액, n=145)	Piperacillin	38	10.5	32	9.4	37	24.3	38	8.1
	Amp-Sulb		2.6		9.4		5.4		2.7
	Cefazidime		5.3		3.1		13.5		10.8
	Cefepime		7.9		3.1		10.8		13.5
	Imipenem		5.3		3.1		13.5		8.1
	Meropenem		5.3		3.1		13.5		8.1
	Gentamicin		15.8		6.3		8.1		5.4
	Ciprofloxacin		10.5		6.3		13.5		18.9
	Minocycline		0		0		0		0
	Tigecycline		0		0		0		2.7
	Colisin		0		0		0		0

* 약어: Pip-Tazob: piperacillin-tazobactam; Amp-Sulb: ampicillin-sulbactam

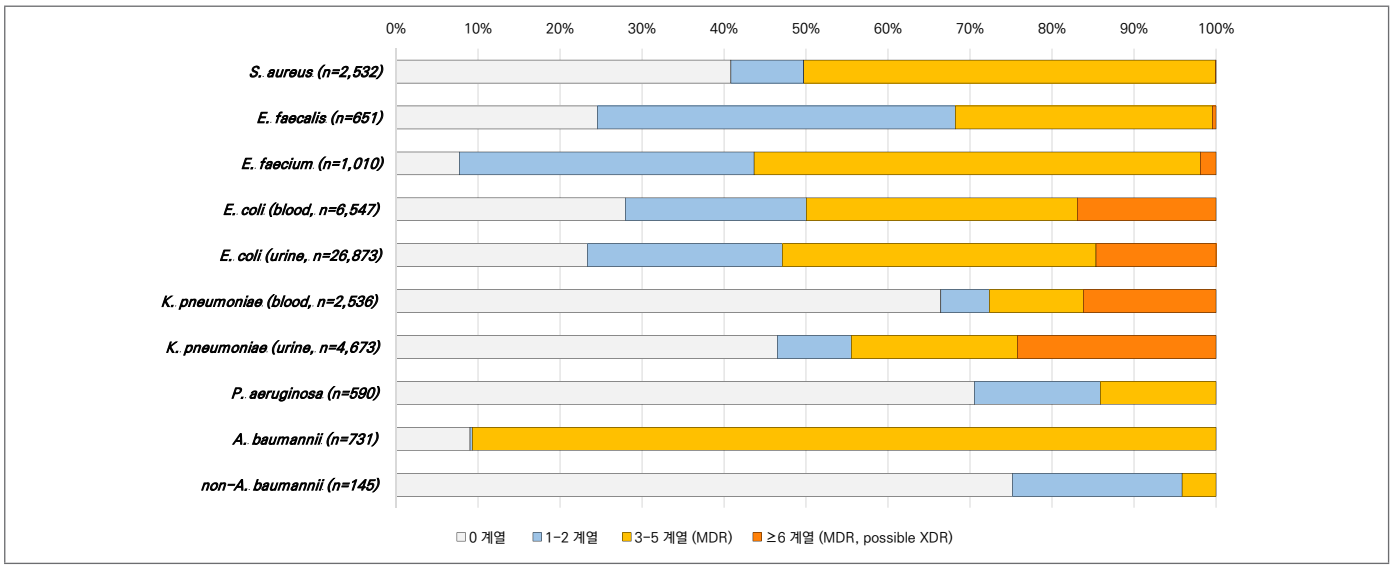


그림 4. 국내 종합병원에서 분리된 주요 내성균의 다제내성(MDR) 비율

7.8%(17주/218주), 2019년 8.0%(15주/187주)로 혈액 분리주보다 다소 높았다. 모든 분리주는 carbapenem계열 항생제인 imipenem에 감수성이었다(표 3).

3) 비발효성그람음성간균(Non-fermenting gram-negative bacilli)

가) *Pseudomonas aeruginosa*

Piperacillin, piperacillin-tazobactam 내성률은 2017년 이후 다소 감소하는 경향을 보였다. Cephalosporin계열의 ceftazidime 및 cefepime 내성률은 2019년에 각각 12.6%, 14.3%였다. Carbapenem계열의 imipenem 및 meropenem 내성률은 2016년에 각각 17.6%, 14.7%였던 것이 2019년에는 25.8%, 23.6%로 증가 추세를 보였다(표 4). MDR 비율은 14.1%(83주/590주)이었고, 70.5%(416주/1,010주)는 모든 계열의 항생제에 감수성이었다(그림 4).

나) *Acinetobacter* species

혈액 분리 *Acinetobacter* species 중 83.5%(731주/876주)가 *A. baumannii*로 확인되었다(표 1). 대부분의 *A. baumannii*는 carbapenem계열 항생제인 imipenem 및 meropenem에 내성을 보였다(90.3%, 2019년). 특히, carbapem 내성 *A. baumannii*의 90%(658주/731주)는 OXA-23 유전자를 보유하였다. Colistin 내성률은 1% 미만으로 낮았으나, minocycline 및 tigecycline 내성률은 2018년에 각각 0.5%, 2.9%에서 2019년 12.2%, 16.8%로 증가하였다. Non-*baumannii Acinetobacter*는 *A. baumannii*균주보다 상대적으로 항생제 내성률이 낮았다. *A. baumannii*와 non-*baumannii Acinetobacter*에서 MDR 비율은 각각 90.7% 및 4.1%로 확인되었다(그림 4).

맺는 말

그간 국내 주요 항생제 내성 감시체계로는 KONSAR (Korean Nationwide Surveillance of Antimicrobial Resistance), KONIS (Korean Nosocomial Infection Surveillance), KARMS (Korean Antimicrobial Resistance Monitoring System)가 운영 되어왔다. 이들 감시 시스템은 제한적인 일부 균종만을 대상으로 하고 수집 기간이 동일하지 않거나, 균주를 제외한 내성 정보만 수집하는 등 대표성 있는 항생제 내성 자료를 산출하는데 제한점이 있었다. 2016년 질병관리본부(現 질병관리청)는 기존 감시 시스템의 일부 제한점을 보완하고 i) 중복을 제외한 대상 병원체 전수 수집, ii) 수집센터를 통한 임상정보 및 균주 수집, iii) 분석센터를 통한 내성균 특성

분석, iv) 시험관리센터를 통한 시험결과 질 관리, v) 전체 업무 프로세스를 반영한 웹기반 데이터 관리 시스템을 갖춘 신뢰할 수 있는 항생제 내성 감시체계인 Kor-GLASS를 구축하였다.

2016년부터 2019년까지 Kor-GLASS를 통해 총 47,906주가 수집되었고 각 균종별 항생제 감수성 시험 및 내성 유전자 검사가 수행되었다. 제1기 국가 항생제 내성 관리대책의 지표 중 하나인 MRSA 비율은 2016년 53.5%에서 2019년 48.6%로 점차 감소하는 양상을 보였다. 그러나 VRE는 2016년 29.9%에서 2019년 40.9%로 큰 폭으로 증가하였다. 혈액 및 요 검체에서 가장 빈번하게 분리되는 장내세균속균종인 *E. coli* 및 *K. pneumoniae*에서도 치료용 항생제인 3세대 cephalosporin에 대한 내성을 유발하는 ESBL 생성을 의심할 수 있는 cefotaxime 내성균이 증가함을 확인하였다. 이러한 내성균은 대부분 CTX-M형 ESBL 유전자를 가지고 있었으며, 이들은 플라스미드, 트렌스포존 등과 같은 유전자 운반체를 통해 서로 다른 개체로 전달될 수 있어 짧은 시간 동안 급격한 다제내성 균주의 증가 및 확산을 초래하기도 한다. ESBL 생성균의 증가는 carbapenem계열 항생제 사용 증가를 초래하여 이에 따른 carbapem 내성 그람음성균 감염의 발생 빈도가 증가하고 있다. 본 결과에서는 *E. coli* 및 *K. pneumoniae, Salmonella* spp.와 같은 장내세균속균종의 carbapenem 내성률은 2% 이하로 낮은 수준이었으나 *P. aeruginosa*의 meropenem 내성률의 증가[14.7%(2016년) → 23.6%(2019년)]와 *A. baumannii*의 높은 carbapenem 내성률 (90.3%, 2019년)은 매우 우려할 만한 수준이다.

종합병원 유래 주요 병원균들은 1차 치료 항생제를 포함하여 여러 항생제에 대한 내성률이 여전히 심각한 수준이며, 시간 경과에 따라 항생제별 내성균의 증감을 지속적으로 모니터링하고 국내 항생제 처방 현황 등과 연계한 내성균의 증감 요인 분석 등이 필요할 것으로 보인다.

정부는 항생제 내성을 극복하기 위해 2016년 「국가 항생제 내성 관리대책(2016~2020)」을 수립하여 항생제의 올바른 사용과 내성균 확산 방지를 위한 분야별 실행계획을 마련하여 노력하고 있으며, 2021년에는 제1기 대책의 보완점을 개선한 제2기 대책 발표를 앞두고 있다. Kor-GLASS를 통해 수년간의 결과가 누적되면 신뢰성 있는 내성실태 파악은 물론, 항생제 사용량과 같은 항생제 내성에 영향을 미치는 인자들을 폭넓게 연계·분석한다면 국가 항생제 내성 대응 정책에 활용할 수 있는 좋은 근거자료가 될 것으로 기대된다.

① 이전에 알려진 내용은?

항생제 내성은 전 세계 보건에 가장 큰 위협 중 하나이며, 높은 이환율 및 장기 입원에 따른 생산성 저하로 의료비 및 사회적 비용을 증가시켜 의료 및 사회경제적 측면에서 큰 부담이 되고 있다. 우리나라는 항생제 내성 문제 극복을 위한 「국가 항생제 내성 관리대책」의 일환으로 2016년에 국내 다제내성균 조사체계(Kor-GLASS)를 구축하고 현재까지 지속적으로 운영해오고 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2016년부터 2019년까지 Kor-GLASS를 통해 총 47,906주가 수집되었고, MRSA 비율은 2016년 53.5%에서 2019년 48.6%로 점차 감소하는 추세를 보였다. VRE는 2016년 29.9%에서 2019년 40.9%로 점차 증가하는 양상을 보였다. ESBL 생성을 의심할 수 있는 cefotaxime에 대한 내성률은 혈액 분리 *E. coli*에서 2016년 35.4%였으나 2019년에는 37.1%로 서서히 증가하였으며, 요 분리 *E. coli* 및 *K. pneumoniae*에서도 증가하는 양상을 보였다. *E. coli* 및 *K. pneumoniae, Salmonella* spp.와 같은 장내세균속균종의 carbapem 내성률은 2% 이하로 낮은 수준이었으나 *A. baumannii*의 경우는 대부분(90.3%, 2019년)의 균주가 carbapenem 내성으로 나타났다.

③ 시사점은?

Kor-GLASS는 연간 1만주 이상의 병원체를 수집·분석함으로써 국내 항생제 내성균에 대한 의료기관 내 발생률과 지역사회 발생률, 성별 및 연령별 내성률 등 정확한 내성실태 파악이 가능한 조사로 신뢰성 있는 결과를 산출함으로써 항생제 내성 극복을 위한 기초자료를 제공할 수 있다.

참고문헌

1. Jim O'Neill. Antimicrobial Resistance: Tackling a crisis for the health and wealth of nations. Review on Antimicrobial Resistance. 2014.
2. 질병관리본부. 국내에서 수행 중인 2016년도 국제항생제내성감시체계(WHO Global Antimicrobial Surveillance System) 소개. 주간 건강과 질병. 2016;10(10):234–238.
3. Lee H, Yoon EJ, Kim D, Jeong SH, Shin JH, Shin JH, Shin KS, Kim YA, Uh Y, Park C, Lee KJ. Establishment of the South Korean national antimicrobial resistance surveillance system, Kor–GLASS, in 2016. Euro Surveil. 2018;23(42):1700734.
4. WHO. Global Antimicrobial Resistance Surveillance System–Manual for Early Implementation. 2017.
5. 질병관리청. 2019 국가 항균제 내성균 조사 연보. 2021.
6. Magiorakos AP, Srinivasan A, Carey RB, Carmeli Y, Falagas ME, Giske CG, Harbarth S, Hindler JF, Kahlmeter G, Olsson–Liljequist B, Paterson DL, Rice LB, Stelling J, Struelens MJ, Vatopoulos A, Weber JT, Monnet DL. Multidrug–resistant, extensively drug–resistant and pandrug–resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. Clin Microbiol Infect. 2012;18(3):268–281.

Abstract

Trends of antimicrobial resistance rates of major clinical pathogens isolated from general hospitals in Korea in 2016-2019: results from Kor-GLASS

Kim Jung Wook, Bae Song Mee, Lee Sung Young, Yoo Jung Sik
Division of Antimicrobial Resistance Research, Center for Infectious Disease Research, National Institute of Infectious Diseases (NIID), Korea National Institute of Health (KNIH), Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)
Choo Soo Young
Division of Antimicrobial Resistance Control, Bureau of Healthcare Safety and Immunization, KDCA
Kor-GLASS group

The Korea Centers for Disease Control and Prevention (renamed the Korea Disease Control and Prevention Agency [KDCA]) established an antimicrobial resistance (AMR) surveillance system, compatible with the GLobal AMR Surveillance System (GLASS), called Kor-GLASS, in 2016. The aim of this report was to analyze the results of the AMR status of major resistant bacteria collected through the operation of Kor-GLASS from 2016 to 2019. Among 303,928 blood cultures, 15,116 target pathogens were recovered. The predominant bacterial species were *Escherichia coli* (n=6,547), *Klebsiella pneumoniae* (n=2,536), and *Staphylococcus aureus* (n=2,532). From 286,951 urine cultures, 26,873 *E. coli* and 4,673 *K. pneumoniae* were recovered. The rate of methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) decreased from 53.5% in 2016 to 48.6% in 2019, while the rate of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* (VRE) remained steadily high. The resistance rates to cefotaxime of *E. coli* isolated from blood increased from 35.4% in 2016 to 37.1% in 2019, and those of *E. coli* and *K. pneumoniae* isolated from urine also increased. The majority of these strains carried the CTX-M type extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) gene. The rates of resistance to carbapenems, which is used for treatment of ESBL-producing gram-negative bacterial infections, were as low as 2% or less in *Enterobacterales*. On the other hand, the carbapenem resistance rates in *Pesudomonas aeruginosa* and *Acinotobacter baumannii* in 2019 were relatively high at 23.6% and 90.3%, respectively.
Kor-GLASS generated well-curated surveillance data devoid of collection bias or isolate duplication, including patient data associated with the bacterial cultures. The results of this surveillance can provide basic data for making management policies to overcome AMR.

Keywords: Antimicrobial resistance, GLASS, Kor-GLASS, MRSA, VRE, CRE, ESBL

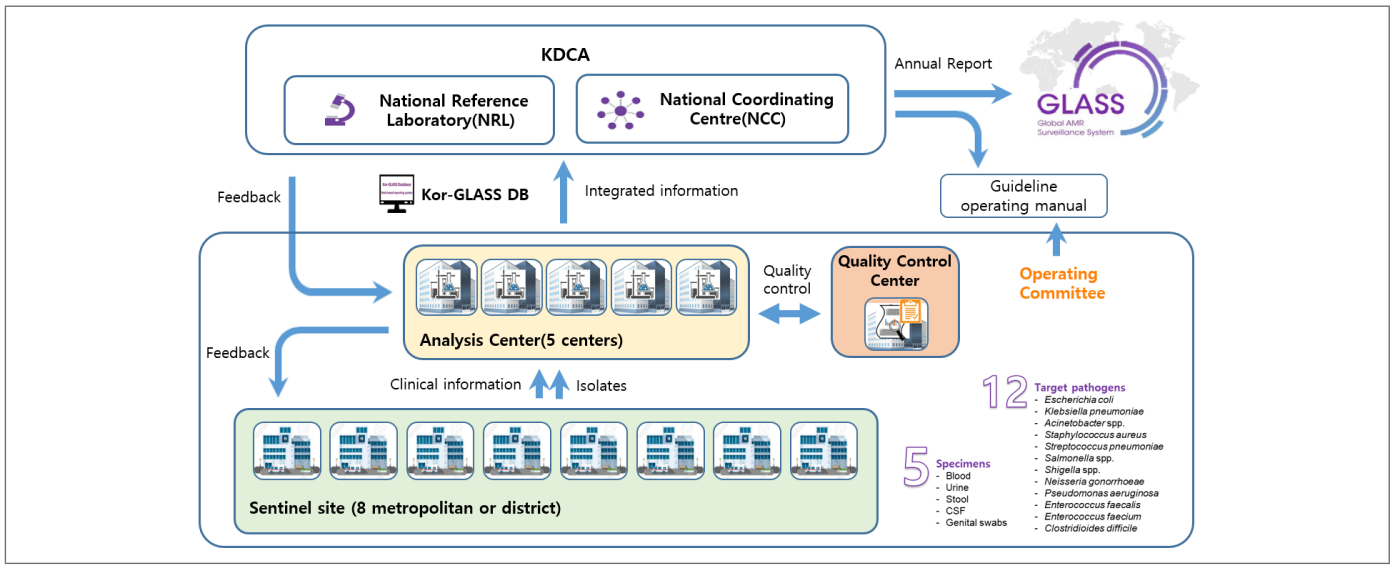


Figure 1. Global Antimicrobial Resistance Surveillance System in Korea (Kor-GLASS) system in 2019

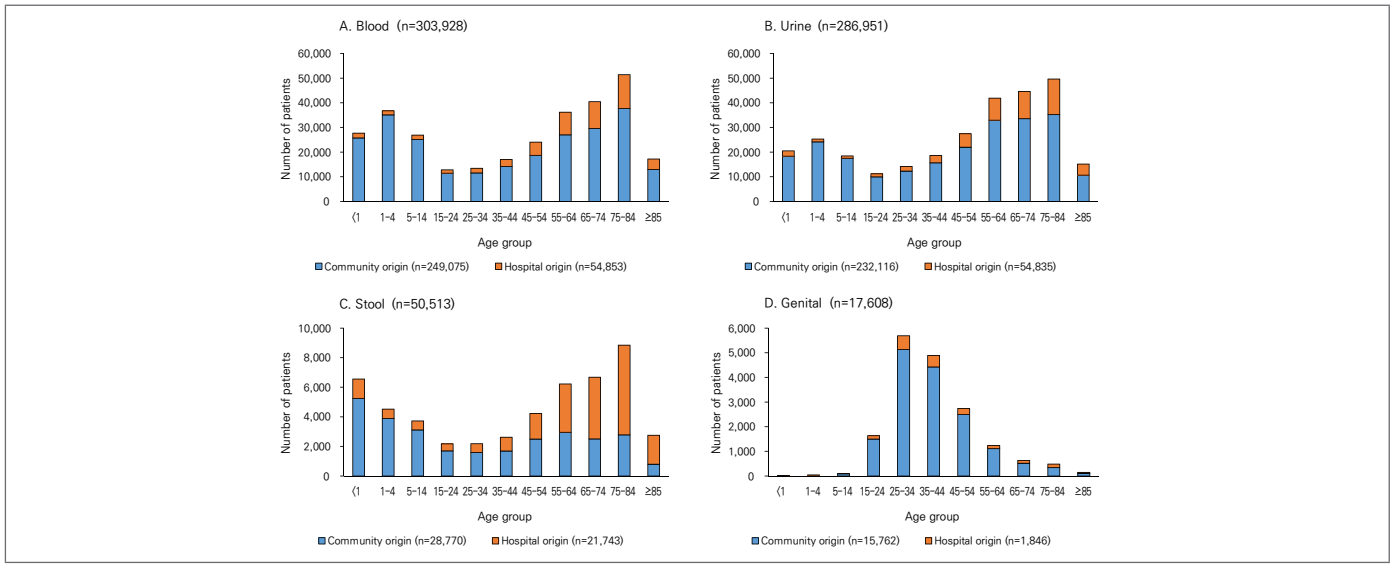


Figure 2. Number of patients samples for bacterial culture, by specimen and age group

Table 1. Number of target pathogen by specimen, 2016–2019

Specimen	Target pathogen	2016 (n=7,877)	2017 (n=13,440)	2018 (n=13,262)	2019 (n=13,327)	Total
Blood	*Staphylococcus aureus*	398	708	743	683	2,532
	Enterococcus faecalis	116	175	181	651	651
	Enterococcus faecium	137	288	277	308	1,010
	Streptococcus pneumoniae	15	54	48	36	153
	Clostridioides difficile	–	–	1	28	29
	Escherichia coli	1,112	1,772	1,724	1,939	6,547
	Klebsiella pneumoniae	426	693	701	716	2,536
	Salmonella spp.	35	56	55	47	192
	Shigella spp.	0	0	0	0	0
	Pseudomonas aeruginosa	102	149	157	182	590
	Acinetobacter baumannii	131	203	210	187	731
	non-baumannii Acinetobacter	38	32	37	38	145
Urine	*Escherichia coli*	4,474	7,874	7,255	7,270	26,873
	Klebsiella pneumoniae	823	1,256	1,299	1,295	4,673
Stool	*Salmonella* spp.	71	172	163	140	546
	Shigella spp.	0	1	2	0	3
	Clostridioides difficile	–	–	409	277	686
Genital	*Neisseria gonorrhoeae*	0	1	0	0	1
CSF	*Streptococcus pneumoniae*	0	6	2	0	8

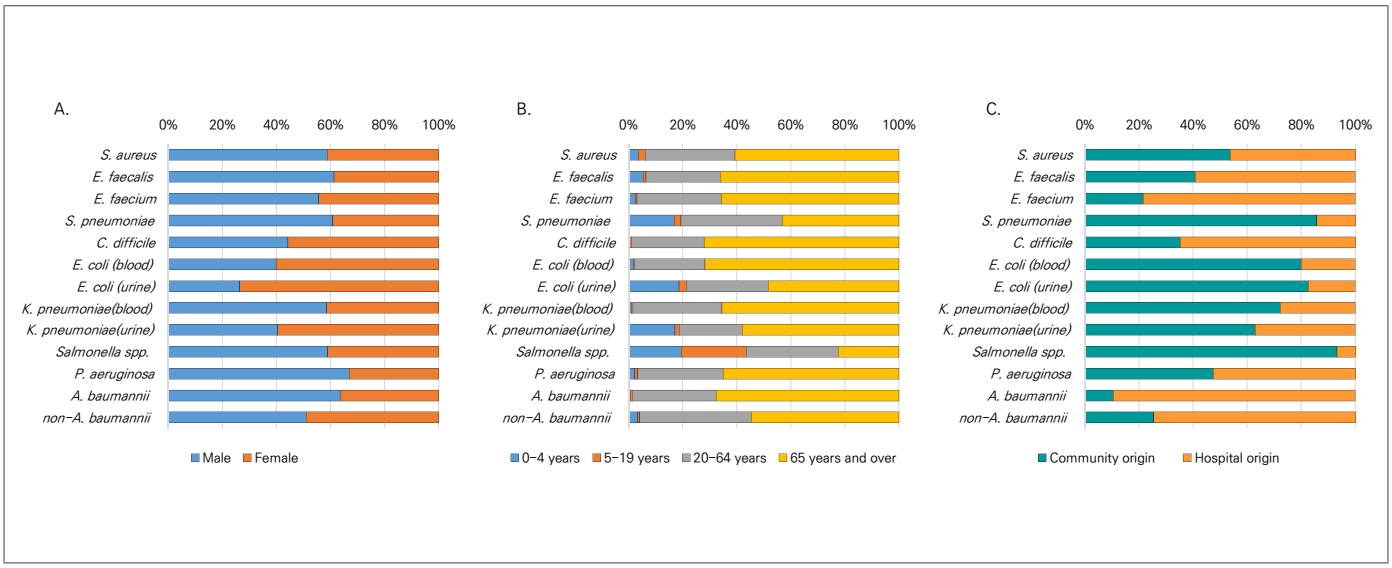


Figure 3. Distribution of (A) sex, (B) age group, (C) infection origin by specimen

Table 2. Antimicrobial resistance rates of major gram-positive pathogens, 2016-2019

Species	Antimicrobial agents	2016		2017		2018		2019	
		No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)
Staphylococcus aureus (blood, n=2,532)	Cefoxitin	398	53.5	708	53.2	743	47.1	683	48.6
	Erythromycin		42.0		38.7		35.3		35.1
	Clindamycin		28.4		24.7		20.9		19.0
	Mupirocin		8.0		8.1		12.0		13.3
	Quin-Dalf		1.8		0.7		0.1		0.3
	Trim-Sulf		1.3		0.1		0.7		1.2
	Vancomycin		0		0		0		0
	Teicoplanin		0		0		0		0
	Linezolid		0		0		0		0
	Tigecycline		1.8		0.4		4.4		5.0
Enterococcus faecalis (blood, n=651)	Ampicillin	116	0	175	0.6	179	1.7	181	5.5
	Ciprofloxacin		33.6		41.1		39.7		35.4
	Gentimicin-HL		25.9		26.9		29.6		22.1
	Streptomycin-HL		7.8		6.3		5.6		6.6
	Tetracycline		70.7		73.7		74.9		68.5
	Vancomycin		0		0.6		0.6		1.7
	Teicoplanin		0		0.6		0.6		1.7
	Linezolid		0		1.1		0		1.7
	Tigecycline		0		0		0		0
Enterococcus faecium (blood, n=1,010)	Ampicillin	137	90.5	288	89.6	277	91.0	308	90.3
	Ciprofloxacin		90.5		89.9		90.3		90.8
	Gentimicin-HL		21.2		18.1		21.3		23.7
	Streptomycin-HL		3.6		1.0		0		0.6
	Tetracycline		11.7		14.9		15.9		12.0
	Quin-Dalf		8.8		3.1		6.1		8.4
	Vancomycin		29.9		34.0		39.4		40.9
	Teicoplanin		20.4		18.8		27.1		34.7
	Linezolid		0.7		0		0		0
	Tigecycline		0		0.3		0		0
Streptococcus pneumoniae (blood, n=153)	Penicillin	15	0	54	9.3	48	8.3	36	2.8
	Amox-Clav		6.7		18.5		25.0		27.8
	Cefotaxime		0		1.9		6.3		2.8
	Ceftriaxone		0		1.9		10.4		2.8
	Cefuroxime		60.0		68.5		66.7		72.2
	Erythromycin		80.0		75.9		77.1		83.3
	Levofloxacin		0		3.7		2.1		2.8
	Trim-Sulf		26.7		31.5		27.1		25.0
Clostridioides difficile (stool, n=715)	Ampicillin	–	–	–	–	410	11.5	305	20.0
	Cefotetan		–		–		33.2		25.9
	Imipenem		–		–		44.1		48.2
	Clindamycin		–		–		68.3		70.5
	Chloramphenicol		–		–		1.2		0.7
	Tetracycline		–		–		16.6		14.4
	Rifaximin		–		–		16.8		13.1
	Moxifloxacin		–		–		44.4		39.3
	Vancomycin		–		–		0		0
	Metronidazole		–		–		0		0

*Abbreviations: Quin-Dalf, quinupristin-dalfopristin; Trim-Sulf, trimethoprim-sulfamethoxazole; Gentimicin-HL, High-level gentimicin; Streptomycin-HL, High-level streptomycin; Amox-Clav, amoxicillin-clavulanic acid

Table 3. Antimicrobial resistance rates of major *Enterobacterales*, 2016–2019

Species	Antimicrobial agents	2016		2017		2018		2019	
		No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)
Escherichia coli (blood, n=6,547)	Ampicillin	1,112	65.2	1,772	65.3	1,724	68.0	1,939	67.5
	Amp-Sulb		24.3		28.9		29.3		22.0
	Cefotaxime		35.4		32.4		38.6		37.1
	Ceftazidime		11.3		11.8		12.7		10.2
	Cefefime		21.4		20.3		24.8		20.2
	Aztreonam		21.2		20.8		24.6		20.0
	Imipenem		0.1		0.2		0.1		0.2
	Gentamicin		29.6		26.6		27.1		26.36
	Ciprofloxacin		39.4		35.8		42.7		41.1
	Tigecycline		0.2		0.1		0		0.1
	Colistin		0.1		0.2		0.1		0
Escherichia coli (urine, n=26,873)	Ampicillin	4,474	69.3	7,874	68.8	7,255	69.6	7,270	71.7
	Amp-Sulb		25.3		29.8		27.7		22.2
	Cefotaxime		31.6		31.3		33.2		37.5
	Ceftazidime		9.9		10.3		10.2		9.8
	Cefefime		17.7		17.6		18.1		18.3
	Aztreonam		17.4		17.9		18.4		17.9
	Imipenem		0		0		0.1		0.1
	Gentamicin		30.9		27.1		27.4		28.9
	Ciprofloxacin		44.5		40.9		40.7		45.0
	Tigecycline		0.1		0.1		0.1		0.02
	Colistin		0.2		0.2		0.1		0.03
Klebsiella pneumoniae (blood, n=2,536)	Piperacillin	426	29.8	693	28.9	701	31.0	716	29.6
	Amp-Sulb		24.2		27.0		26.1		20.5
	Cefotaxime		27.0		26.1		27.1		24.9
	Ceftazidime		20.0		21.2		20.7		16.8
	Cefefime		19.5		20.6		20.5		17.0
	Aztreonam		22.8		23.4		24.0		19.8
	Imipenem		1.6		0.7		1.4		1.0
	Gentamicin		13.8		12.0		14.8		12.8
	Ciprofloxacin		20.2		18.9		22.7		17.6
	Tigecycline		1.4		0.6		2.1		2.1
	Colistin		0.7		0.6		0.4		1.0
Klebsiella pneumoniae (urine, n=4,673)	Piperacillin	823	45.1	1,256	45.0	1,299	19.1	1,295	48.0
	Amp-Sulb		36.6		39.9		41.3		37.5
	Cefotaxime		39.7		39.0		41.8		41.8
	Ceftazidime		28.9		28.8		28.1		25.8
	Cefefime		27.5		26.6		27.9		26.9
	Aztreonam		31.5		32.1		9.9		9.0
	Imipenem		0.5		1.4		0.6		1.2
	Gentamicin		19.8		22.3		21.7		25.8
	Ciprofloxacin		32.8		31.9		32.5		31.9
	Tigecycline		2.6		1.4		2.2		4.6
	Colistin		0.9		0.7		0.9		1.0
Salmonella species (stool, n=546)	Cefotaxime	105	3.8	228	7.9	218	7.8	187	8.0
	Ceftazidime		2.9		6.1		6.9		7.5
	Imipenem		0		0		0		0
	Azithromycin		1.0		0.4		2.3		1.1
	Ciprofloxacijn		0		3.0		3.2		4.3

*Abbreviations: Amp-Sulb, ampicillin-sulbactam

Table 4. Antimicrobial resistance rates of non-fermenting gram-negative bacilli, 2016-2019

Species	Antimicrobial agents	2016		2017		2018		2019	
		No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)	No. of strains	R (%)
Pseudomonas aeruginosa (blood, n=590)	Piperacillin	102	11.8	149	14.1	157	12.1	182	11.0
	Pip-Tazob		9.8		12.1		8.9		9.9
	Ceftazidime		9.8		14.1		12.7		12.6
	Cefepime		11.8		10.7		13.4		14.3
	Imipenem		17.6		19.5		17.8		25.8
	Meropenem		14.7		18.1		24.2		23.6
	Amikacin		6.9		5.4		7.6		14.8
	Gentimicin		10.8		8.7		12.1		17.0
	Ciprofloxacin		15.7		15.4		20.4		20.3
	Colistin		0		0		0		0
Acinetobacter baumannii (blood, n=731)	Piperacillin	131	88.5	203	93.1	210	89.5	187	90.8
	Amp-Sulb		71.0		81.3		76.2		77.8
	Cefazidime		84.7		87.7		86.7		90.8
	Cefepime		87.8		92.6		90.5		91.4
	Imipenem		87.8		92.1		89.0		90.3
	Meropenem		87.8		92.1		89.0		90.3
	Gentamicin		69.5		75.9		66.7		76.2
	Ciprofloxacin		88.5		92.1		90.5		90.8
	Minocycline		1.5		2.0		0.5		12.2
	Tigecycline		3.8		5.4		2.9		16.8
	Colisin		0.8		0		0		0.5
non-baumannii Acinetobacter (blood, n=145)	Piperacillin	38	10.5	32	9.4	37	24.3	38	8.1
	Amp-Sulb		2.6		9.4		5.4		2.7
	Cefazidime		5.3		3.1		13.5		10.8
	Cefepime		7.9		3.1		10.8		13.5
	Imipenem		5.3		3.1		13.5		8.1
	Meropenem		5.3		3.1		13.5		8.1
	Gentamicin		15.8		6.3		8.1		5.4
	Ciprofloxacin		10.5		6.3		13.5		18.9
	Minocycline		0		0		0		0
	Tigecycline		0		0		0		2.7
	Colisin		0		0		0		0

*Abbreviations: Pip-Tazob, piperacillin-tazobactam; Amp-Sulb, ampicillin-sulbactam

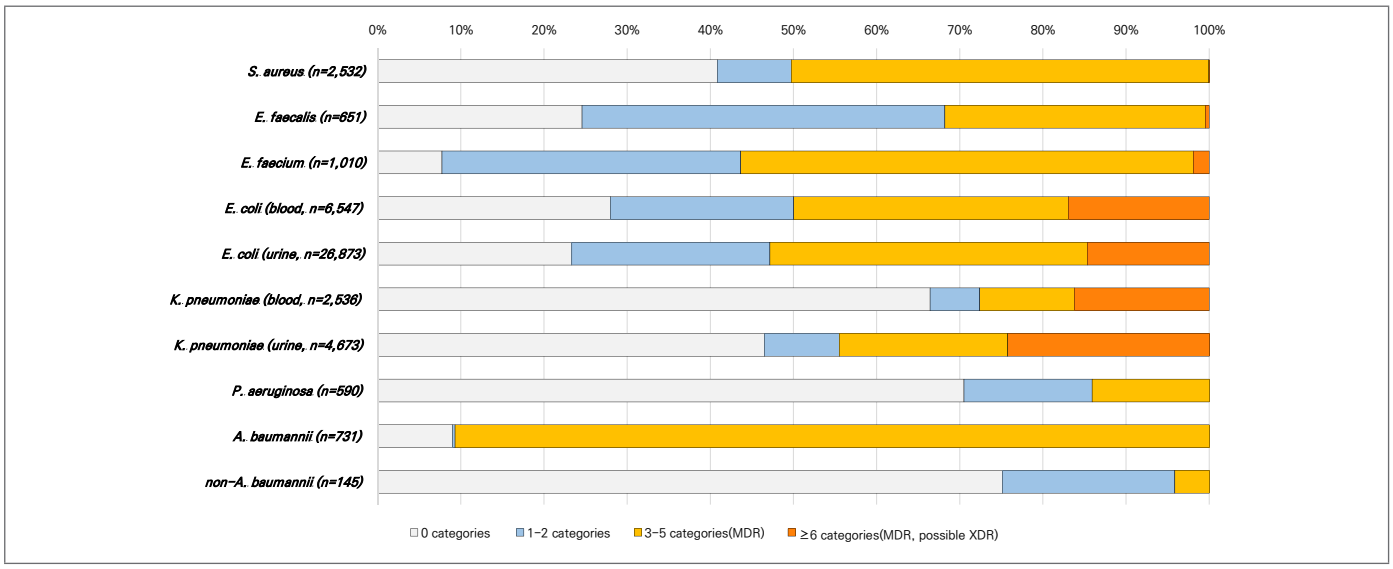


Figure 4. The rates of multi-drug resistance (MDR) of major pathogen

역학 · 관리보고서 2

2019 희귀질환자 통계 연보 주요 결과

질병관리청 만성질환관리국 희귀질환관리과 **최은경, 이지원***

*교신저자 : jwleemd@korea.kr, 043-719-8771

초 록

희귀질환은 질환별 환자의 희소성 및 질환에 대한 정보 부족 등으로 인하여 그 발생 및 유병 인구에 대한 정보가 거의 없다. 질병관리청은 희귀질환관리법에 따른 희귀질환의 발생 및 진단 관련 통계 정보를 산출하기 위하여 2019년 희귀질환 등록통계를 국가작성 통계로 승인 받은 후 해당 사업을 추진하였고, 그 결과 2020년 12월말에 '2019 희귀질환자 통계 연보'를 공표하였다.

2019 희귀질환자 통계 연보에 따르면 2019년 1월 1일부터 12월 31일 동안 636개의 희귀질환에 대하여 총 55,499명의 희귀질환자가 발생하였으며, 그 중 남자는 26,148명(47.1%), 여자는 29,351명(52.9%)이었다. 한국 표준질병·사인 대분류에 따른 전체 희귀질환 발생자 수의 분율을 살펴보면 근골격계통 및 결합조직의 질환(25.0%), 신경계통의 질환(14.6%), 선천기형, 변형 및 염색체 이상(13.1%) 순으로 발생자 수가 많았다. 발생자 수가 200명을 초과하는 질환은 48개 질환이었으며, 발생자 수는 43,518명으로 전체 발생자 수의 78.4%를 차지하였다.

2019 희귀질환자 통계 연보는 산정특례에 등록된 신규 환자만을 대상으로 작성되었기 때문에 산정특례 미등록자에 대한 정보는 포함되지 않는 등의 한계가 존재하지만 국내 최초로 희귀질환 발생에 대한 통계를 보여준다는 점에서 의의가 있다. 질병관리청은 지속적인 통계 품질관리와 신규 통계 결과표의 개발을 통하여 희귀질환 관련 연구개발 및 정책 사업 수립의 근거자료로 희귀질환 등록통계 자료가 활용될 수 있도록 노력할 것이다.

주요검색어 : 희귀질환, 희귀질환 등록통계, 국가승인 통계

들어가는 말

희귀질환은 전 세계적으로 6,000 여개 이상이 있는 것으로 보고되고 있으며[1], 그 종류는 많지만 질환별 환자 수가 적어서 질환에 대한 정보가 매우 제한적이며, 진단·관리를 위한 전문 인력도 적어서 대다수 희귀질환의 발생 및 유병 인구에 대한 정보는 거의 없는 실정이다.

한국을 포함하여 여러 국가에서는 법률 등을 통하여 인구 100,000명당 10~70명의 유병인구가 있는 질환을 희귀질환으로 정의하고 있지만[2-6], 희귀질환별 발생 및 유병 인구에 대한 실질적인 정보가 발표된 경우는 거의 없었다. 프랑스 국립보건의학연구소(Institut National de la santé et de la recherche médicale, INSERM)에서 운영하고 있는 희귀질환 정보 데이터베이스(Orphanet)에서는 2021년 Orphanet Report Series를 통해 희귀질환 목록과 질환별 추정 발생률 또는 유병률을 발표하였는데 이 정보는 전 세계 희귀질환 관련 문헌 및 레지스트리 등을 조사·분석하여 추정한 값이다[7]. 또한 Wakap 등이 Orphanet 데이터베이스에서 공개하고 있는 역학 데이터를 이용하여 희귀질환의 유병률을 추정하였는데 전 세계 인구의 약 3.5~5.9%, 즉 2억 6천명~4억 4천명을 희귀질환 유병 인구로 추정하였다[1].

국내에서도 희귀질환관리법 시행 이전에는 희귀질환에 대한 법적 정의조차도 없었기 때문에 희귀질환의 발생 및 유병인구에 대한 정보는 없었다. 2016년 12월 희귀질환관리법이 시행됨에 따라 희귀질환에 대한 정의가 명시되었고 그에 따라 국가에서 관리하는 희귀질환 목록을 지정 공고하여 통계를 산출할 대상 희귀질환이 정해졌다. 또한 희귀질환 현황 파악을 목적으로 하는

희귀질환 등록통계사업 실시에 관한 사항을 희귀질환관리법에 명시함으로써 등록통계 사업을 위한 법적 근거도 마련하였다. 이에 질병관리청에서는 2019년에 희귀질환의 발생 및 관리에 대한 통계 작성을 위하여 통계청으로부터 '희귀질환 등록통계'를 국가작성 통계로 승인 받았으며[8] 유관 기관으로부터의 통계 자료 수집 체계를 구축하였다. 이후 질병관리청은 구축된 체계에 따라 희귀질환자 진단 자료를 국민건강보험공단과 한국사회보장정보원으로부터 수집하였으며, 수집한 자료를 분석하여 2020년 12월에 국내 최초의 희귀질환 발생 관련 자료인 '2019 희귀질환자 통계 연보'(이하 '2019 통계 연보'로 칭한다)를 작성 및 공표하였다. 본 보고서에서는 2019 통계 연보 이용의 활성화를 위하여 통계 연보 작성을 위한 자료 수집 체계를 소개하고 2019 통계 연보의 주요 결과를 제시하고자 한다[9].

몸 말

1. 통계 자료 수집 및 분석

가. 자료 수집

2019 통계 연보를 작성하기 위하여 수집한 자료는 희귀질환자가 제출한 희귀질환 산정특례 등록 신청 자료로서 의료기관을 통해 국민건강보험공단 또는 시·군·구(한국사회보장정보원) 관련 시스템으로 제출 또는 입력된 자료이다. 질병관리청에서는 전산연계를 통하여 국민건강보험공단 및 한국사회보장정보원에 입력된 희귀질환 산정특례 등록자 자료를 수집하고 기관 내부 희귀질환 통합정보 관리시스템에 해당 환자를 희귀질환자로 등록하였다(그림 1).

희귀질환자의 주소는 행정안전부 주민등록데이터베이스에 존재하는 데이터를 구득하여 확인하였으며 주민등록주소가 확인되지 않은 경우에는 산정특례 등록 신청서에 기재된 주소지를 이용하였다.

나. 분석 자료 및 대상

수집한 환자의 자료 중에서 산정특례 적용 시작일자를 발생일자 기준일로 정하고 적용 시작일자가 2019년 1월 1일부터 12월 31일인 산정특례 신규 등록 환자를 발생자로 간주하여, 표 1에서 제시한 항목을 대상으로 분석하였다. 분석 대상 질환은 보건복지부에서 희귀질환으로 공고(2018.9.13. 공고, 2019.6.26. 정정 공고)한 926개 질환이었다.

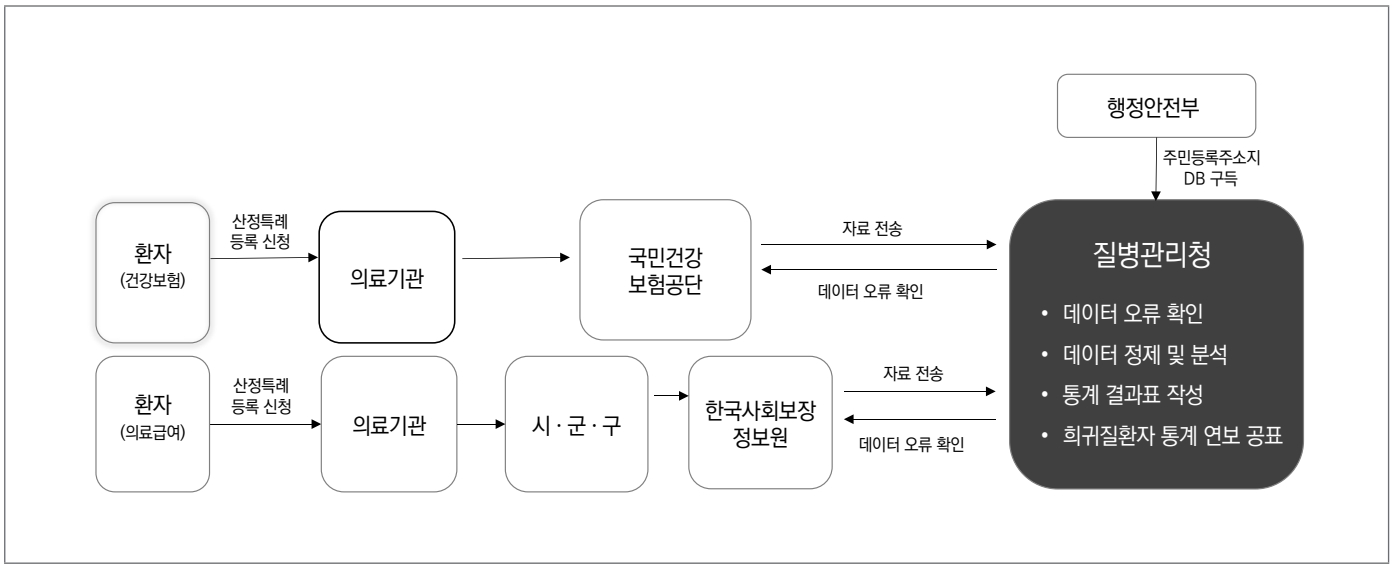


그림 1. 희귀질환 등록통계 자료 수집 체계

표 1. 2019 희귀질환자 통계 연보 분석 대상 자료

연번	항목명	주요 내용
1	환자 성별	남녀
2	환자 연령	연령
3	환자 주소	우편번호
4	질병분류코드	질환 분류
5	상병코드 일련번호	질환 분류
6	특정기호	질환 분류
7	산정특례 신규등록/재등록 여부	신규 등록자
8	산정특례 적용 시작일	발생 기준일자

2. 2019 통계 연보 주요 결과

2019 통계 연보에 수록된 통계 결과표는 표 2와 같으며, 본 보고서에서는 2019 통계 연보에 수록된 통계 결과표 내용을 요약하거나 일부 내용은 재분류 및 도식화하여 제시하였다.

가. 발생 희귀질환

공고 희귀질환 926개 중에서 636개 희귀질환에 신규 환자가 등록되었으며 이 환자들을 발생자로 간주하였다. 「본인일부부담금 산정특례에 관한 기준」 [별표4]의 희귀질환 산정특례 대상 분류에 따라 '희귀질환(극희귀질환 및 기타 염색체 이상질환은 제외),' '극희귀질환' 및 '기타 염색체 이상질환'으로 구분하여 공고 희귀질환 중 발생한 희귀질환의 개수를 비교하면 표 3과 같다.

표 2. 2019 희귀질환자 통계 연보 수록 통계 결과표

1. 전국 질병분류코드별 성별 발생자 수
   (극희귀 및 기타 염색체 이상질환을 제외한 희귀질환), 2019년
2. 전국 질병별 성별 발생자 수(극희귀질환), 2019년
3. 전국 질병별 성별 발생자 수(기타 염색체 이상질환), 2019년
4. 전국 질병분류코드별 성별 연령군별 발생자 수(발생자 수 200명 초과 질환), 2019년
5. 지역별 질병분류코드별 발생자 수(발생자 수 200명 초과 질환), 2019년

※ 개인정보보호를 위하여 질환에 따른 개인을 특정할 수 없도록 일부 통계 결과표(상기 4번 및 5번)에서 발생자 수가 30이하인 경우에는 *로 표시하였음

표 3. 희귀질환 개수 비교, 2019

구분	공고 질환 개수	발생자 발생 질환 개수	발생자 미발생 질환 개수	발생자 수 200명 초과 질환 개수
전체 희귀질환	926	636	290	48
희귀질환* (극희귀, 기타 염색체 이상질환 제외)	763	519	244	48
극희귀질환†	133	98	35	0
기타 염색체 이상질환‡	30	19	11	0

*희귀질환 : 유병(有病)인구가 2만명 이하이거나 진단이 어려워 유병인구를 알 수 없는 질환

†극희귀질환 : 진단법이 있는 독립된 질환으로 국내 유병(有病)인구가 200명 이하로 유병률이 극히 낮거나 별도의 질병분류코드가 없는 질환

‡기타 염색체 이상질환 : 과학 및 의료기술의 발달로 발견된 질환명이 없는 새로운 염색체 이상(염색체 결손, 중복 등) 질환으로 별도의 질병분류코드가 없지만 증상이 아닌 질환으로 규정할 수 있는 희귀질환

나. 전체 희귀질환 발생자 수

총 발생자 수는 55,499명이었으며, 그 중 남자는 26,148명(47.1%), 여자는 29,351명(52.9%)이었다(표 4). 한국 표준질병·사인 대분류에 따라 희귀질환 발생자 수의 분율을 살펴보면 근골격계통 및 결합조직의 질환(25.0%), 신경계통의 질환(14.6%), 선천기형, 변형 및 염색체 이상(13.1%), 순환계통의 질환(12.7%), 소화계통의 질환(12.4%) 순으로 발생자 수가 많았다(그림 2).

다. 발생자 수 200명 초과 희귀질환

발생자 수가 200명 초과인 질환은 636개 질환 중 48개 질환이었으며, 이들 희귀질환 발생자 수는 43,518명으로 전체 희귀질환자 발생자 수의 78.4%를 차지하였다(그림 3).

200명 초과 질환에서 연령군별 및 지역별 발생자 수는 그림 4, 5와 같다. 연령군별 발생자 수를 살펴보면 60~64세 연령군에서 발생자 수가 가장 많았고, 55~59세 연령군, 50~54세 연령군 순으로 발생자 수가 많았다(그림 4). 발생자 거주지 지역별로 보면 서울·인천 및 경기도인 수도권에 전체의 50%이상이 거주하는 것으로 나타났다(그림 5).

표 4. 희귀질환 발생자 수, 2019

구분	계	남자	여자
전체	55,499	26,148	29,351
희귀질환* (극희귀, 기타 염색체 이상질환 제외)	54,679	25,720	28,959
극희귀질환†	775	411	364
기타 염색체 이상질환‡	45	17	28

*희귀질환 : 유병(有病)인구가 2만명 이하이거나 진단이 어려워 유병인구를 알 수 없는 질환

†극희귀질환 : 진단법이 있는 독립된 질환으로 국내 유병(有病)인구가 200명 이하로 유병률이 극히 낮거나 별도의 질병분류코드가 없는 질환

‡기타 염색체 이상질환 : 과학 및 의료기술의 발달로 발견된 질환명이 없는 새로운 염색체 이상(염색체 결손, 중복 등) 질환으로 별도의 질병분류코드가 없지만 증상이 아닌 질환으로 규정할 수 있는 희귀질환

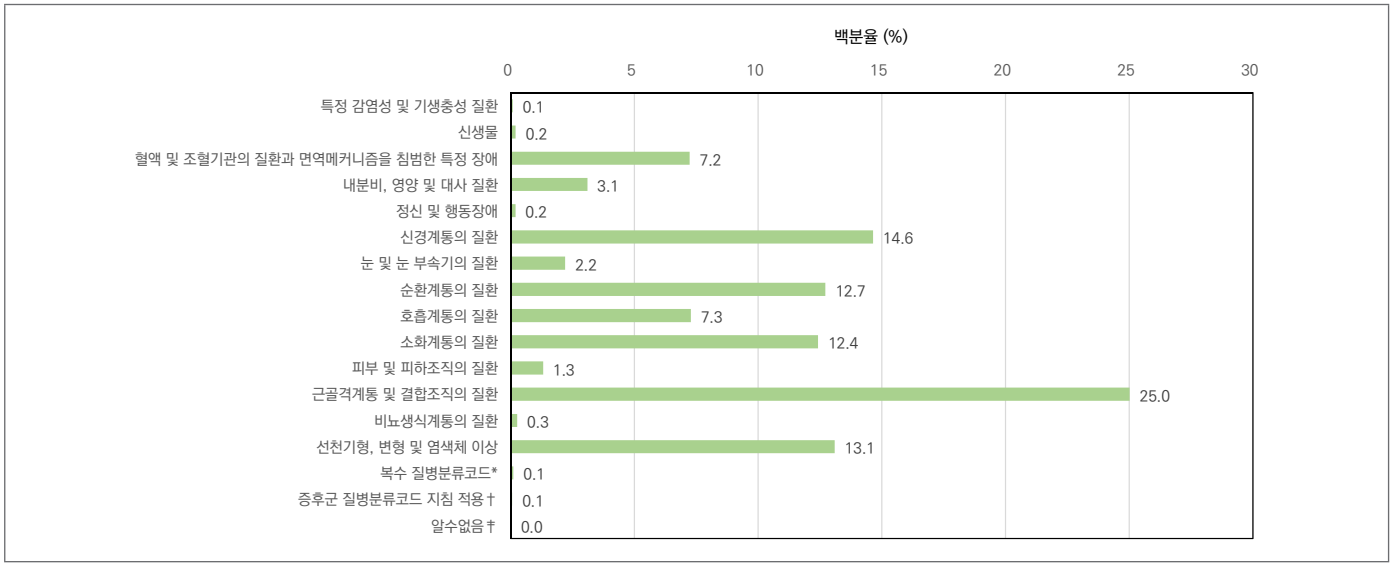


그림 2. 한국 표준질병 · 사인 대분류에 따른 희귀질환 발생자 수 분율, 2019

*통계청 권고에 따라 복수의 질병분류코드를 부여할 수 있는 질환

†통계청의 증후군 질병분류지침에 따라 진단 기준 상 특정한 병태의 적용이 적합하지 않아 최종 진단의 병태를 중요도 순으로 부여하는 질환

‡「본인일부부담금 산정특례에 관한 기준」[별표4]에서 '희귀질환 산정특례 대상질환'의 특정기호 V009로 명시한 질병분류코드(D66~D68.2)의 일부 질환들이 해당 질병분류코드가 아닌 V009로 질병분류코드가 입력되어 희귀질환 산정특례 등록이 된 경우로서 정확한 질병분류코드를 알 수 없는 경우

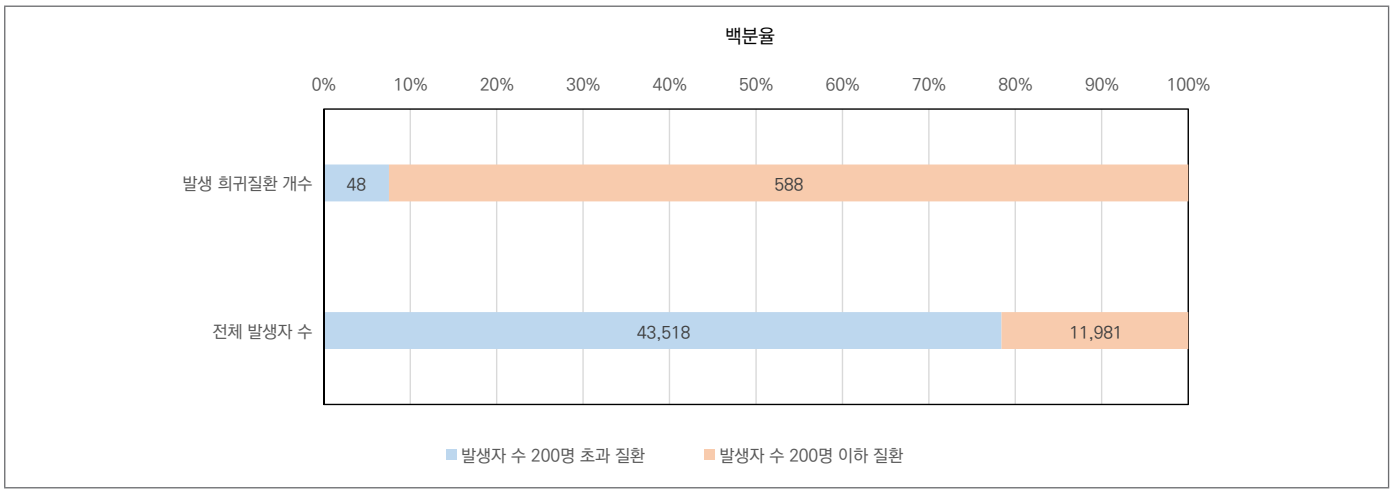


그림 3. 발생자 수 200명에 따른 희귀질환 개수 및 발생자 수 비교, 2019

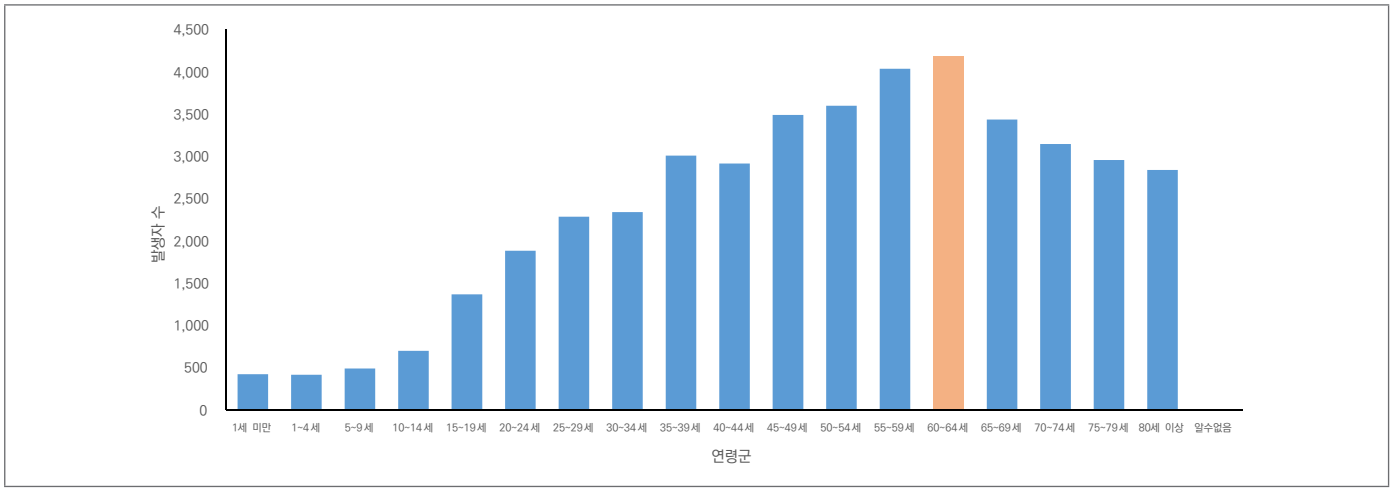


그림 4. 연령군별 희귀질환 발생자 수, 2019(발생자 수 200명 초과질환)

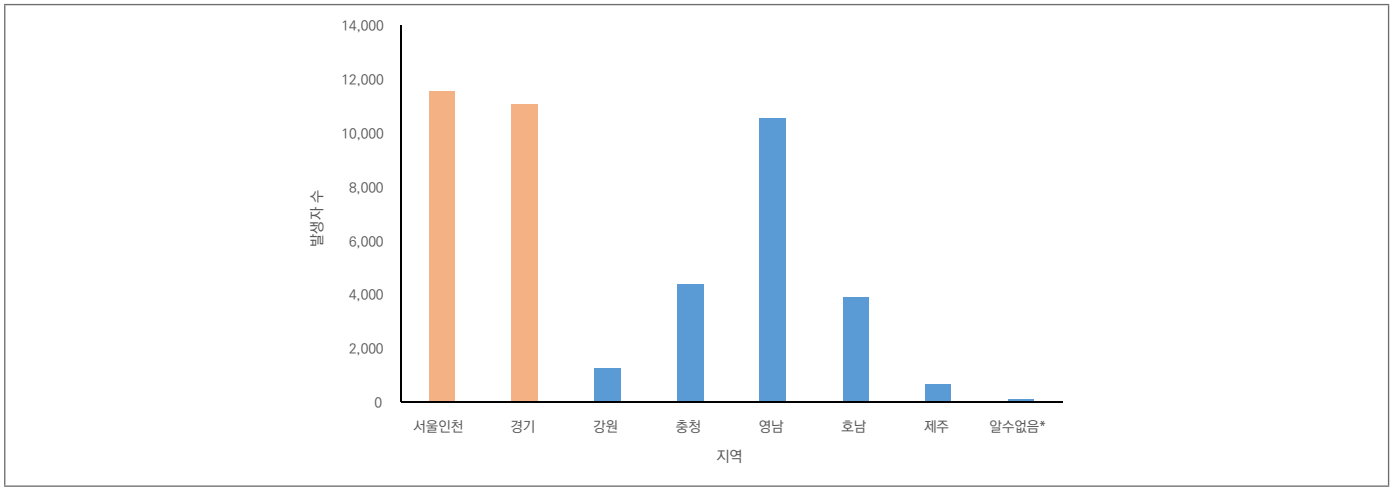


그림 5. 지역별 희귀질환 발생자 수, 2019(발생자 수 200명 초과질환)

* 주민등록주소지가 확인되지 않았거나 산정특례 등록 신청서에 기재된 주소가 불명확한 경우

맺는 말

2019 통계 연보는 희귀질환 산정특례 신규 등록자를 발생자로 산출하였기 때문에 산정특례 미등록 희귀질환자의 정보는 포함되지 않는 등 실제 환자 현황과는 차이가 존재할 수 있다. 그러나 이러한 한계에도 불구하고 이제까지 국내 희귀질환 현황을 공식적으로 보여주는 통계 자료가 없었다는 점을 고려하였을 때, 국내 최초로 희귀질환 발생에 대한 통계를 보여주는 통계 연보를 발간한 것은 의미가 있는 일이라고 할 수 있다. 2019 통계 연보뿐만 아니라 향후에도 발간될 통계 연보가 국내 희귀질환자 발생 현황을 제시하고 관련 정책 및 연구를 위한 기초자료가 될 수 있을 것으로 기대한다. 질병관리청에서는 지속적으로 통계 품질관리를 실시하여 신뢰성 있는 통계를 생산하고 국내 희귀질환 현황을 다각도로 보여줄 수 있는 신규 통계 정보를 생산 및 공표하여 통계 정보가 유용하게 활용될 수 있도록 노력할 것이다. 2019 통계 연보는 질병관리청 희귀질환 헬프라인(https://helpline.kdca.go.kr/cdchelp/)에서 내려 받기 할 수 있다.

① 이전에 알려진 내용은?

전 세계 희귀질환 발생률 및 유병률에 대한 추정값을 보여주는 보고서가 존재하지만 해당 보고서에서 제시된 희귀질환은 보건복지부에서 공고한 희귀질환과 목록과 일치하지 않으며, 희귀질환을 진단 받은 환자 정보를 수집하여 산출한 값이 아니라 문헌 고찰을 통하여 추정된 값이다. 또한 이제까지 공식적인 국내 희귀질환 관련 통계는 없었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

국내 희귀질환자 발생에 관한 최초의 공식적인 통계로서 2019년 1월 1일부터 12월 31일 동안 희귀질환별로 진단받은 환자 수(발생자 수) 및 일부 희귀질환의 경우 연령군별, 지역별 발생자 수를 알 수 있었다.

③ 시사점은?

희귀질환 산정특례 신규 등록자만을 발생자로 산출하였기 때문에 실제 환자 현황과는 차이가 존재할 수 있는 한계가 있음에도 불구하고 국내 최초로 희귀질환자 발생에 대한 통계 자료를 제공했다는 점에서 의의가 있다.

참고문헌

1. Wakap SN, et al., Estimating cumulative point prevalence of rare diseases : analysis of the Orphanet database. Eur J of Hum Genet. 2020; 28(167): 165–173.
2. 국가법령정보센터, 희귀질환관리법, https://www.law.go.kr/lsInfoP.do?lsiSeq=220907&efYd=20200912&ancYnChk=0#0000 (접속일 : 2021.6.15.)
3. 대만 보건복지부, 희귀질환 정의, https://www.hpa.gov.tw/EngPages/Detail.aspx?nodeid=4096&pid=11692 (접속일 : 2021.6.15.)
4. 미국 식품의약품안전청, 희귀의약품법, https://www.fda.gov/industry/designating-orphan-product-drugs -and-biological-products/orphan-drug-act-relevant-excerpts (접속일 : 2021.6.15.)
5. 유럽연합회, Communication from the Commission to the European Parliament, the Council, the European Economic and Social Committee and the Committee of the Regions on Rare Diseases : Europe's challenge, https://ec.europa.eu/health/ph_threats/non_com/docs/rare_com_en.pdf (접속일 : 2021.6.15)
6. 일본 후생노동성, 희귀의약품/의료기기 지정 시스템 개요, https://www.mhlw.go.jp/english/policy/health-medical/ pharmaceuticals/

orphan_drug.html (접속일 : 2021.6.15)
7. Orphanet, Orphanet Report Series : Prevalence and incidence of rare diseases, Bibliographic data, 2021. https://www.orpha.net/orphacom/cahiers/docs/GB/Prevalence_of_rare_diseases_by_alphabetical_list.pdf (접속일 : 2021.6.14.)
8. 통계청 고시. 통계작성의 승인 고시(희귀질환 등록통계) 제2019-532호. 2019.
9. 질병관리청. 2019 희귀질환자 통계 연보. 2020.

Abstract

Key findings from 2019 Annual Report on Rare Disease Patients in Korea

Choi Eun-Kyoung and Lee Jiwon M.
Division of Rare Disease Management, Bureau of Chronic Disease Prevention and Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

There is little information about the incidence and prevalence of rare diseases due to scarce knowledge about rare diseases and a paucity of data.

In order to illustrate current national statistics of rare diseases in South Korea, the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) conducted a national statistics project in 2019, and we hereby report the results of the '2019 Annual Report on Rare Disease Patients in Korea.'

Results showed that, in 2019, there were 55,499 patients with 636 different kinds of rare diseases. The sex ratio was comparable; with 26,148 (47.1%) male patients and 29,351 (52.9%) female patients.

Diseases were categorized according to the criteria of the Korean Standard Classification of Diseases. Diseases of the musculoskeletal system and connective tissue were most frequent (25.0%), followed by the nervous system (14.6%) and congenital malformations, deformations and chromosomal abnormalities (13.1%). There were 48 diseases (43,518 patients) with more than 200 newly registered patients, which accounted for 78.4% of total number of registrations.

This annual report was limited by the fact that the data were collected only from patients who registered under the National Health Insurance Act and the Medical Care Assistance Act. Nevertheless, this 2019 report was significant in the sense that it was the first comprehensive annual report of rare diseases in South Korea.

The KDCA will continue its policy of ensuring that the produced data from the national statistics project of rare diseases be used as supporting material to provide the evidence and grounds for developing relevant policies and research and development plans.

Keywords: Rare diseases, Orphan diseases, Statistics

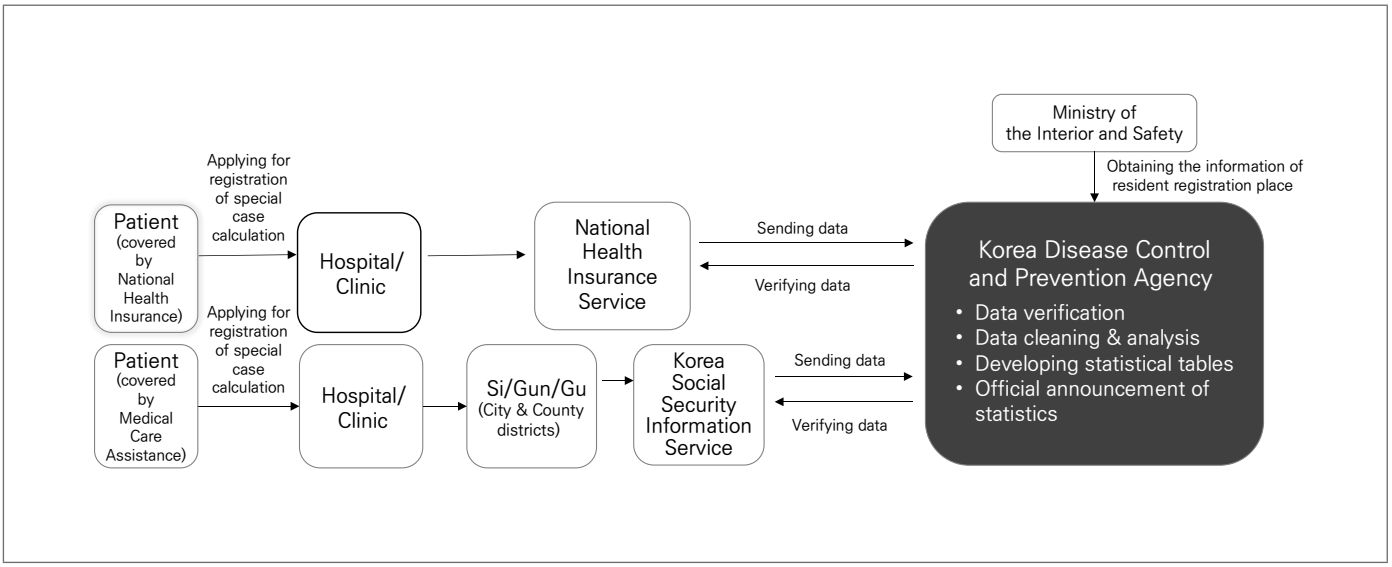


Figure 1. Data collection system in national statistics project of rare disease

Table 1. Data collected for 2019 annual report on rare disease patients in Korea

No.	Variables	Contents
1	Patient's sex	Male/Female
2	Patient's age	Age
3	Patient's address	Zip code
4	Korean Standard Classification of Diseases (KCD)	Classification of disease
5	Serial number	Classification of disease
6	Specific code	Classification of disease
7	New- or re-registered for special case calculation	New registered patient
8	Registration date for special case calculation	Registration date

Table 2. Statistical tables included in 2019 annual report on rare disease patients in Korea

1. Number of registered rare disease patients by Korean Standard Classification of Diseases (KCD) and sex (Rare diseases except for ultra-rare diseases and other chromosomal abnormalities), 2019
2. Number of registered rare disease patients by disease and sex (Ultra-rare disease), 2019
3. Number of registered rare disease patients by disease and sex (Other chromosomal abnormalities), 2019
4. Number of registered rare disease patients by KCD, sex. and age group (for rare diseases with more than 200 registered patients), 2019
5. Number of registered rare disease patients by province and KCD (for rare diseases with more than 200 registered patients), 2019

※ For protection of personal information, in some statistical tables above(table 4 & 5), if the number of patients is less than 3, the number is shown as '*' in order not to identify a specific individual.

Table 3. Number of rare diseases classified by category, 2019

Category	No. of rare diseases officially announced	No. of rare diseases with new registered patients	No. of rare diseases without new registered patients	No. of rare diseases with more than 200 new registered patients
Total	926	636	290	48
Rare disease* (excluding Ultra-rare, Other chromosomal abnormalities)	763	519	244	48
Ultra-rare disease†	133	98	35	0
Other chromosomal abnormalities†	30	19	11	0

*Rare disease: a disease that affects less than 20,000 people or disease by which the number of people affected is unknown because it is difficult to diagnose that disease

† Ultra-rare disease: a disease has a specific diagnostic criteria and it satisfies one of the followings; (i) the number of affected people is less than 200, or (ii) it cannot be classified under Korean Standard Classification of Diseases (KCD)

‡ Other chromosomal abnormalities: new chromosomal abnormalities(deletion, duplication, etc) which were detected by scientific and medical technology development and which meets the following criteria ; (i) the abnormalities do not have a specific KCD, and (ii) it can be classified as a disease, not as a symptom

Table 4. Number of registered rare disease patients, 2019

Category	Total	Male	Female
Total	55,499	26,148	29,351
Rare disease* (excluding Ultra-rare, Other chromosomal abnormalities)	54,679	25,720	28,959
Ultra-rare disease†	775	411	364
Other chromosomal abnormalities†	45	17	28

*Rare disease: a disease that affects less than 20,000 people or disease by which the number of people affected is unknown because it is difficult to diagnose that disease

† Ultra-rare disease: a disease has a specific diagnostic criteria and it satisfies one of the followings; (i) the number of affected people is less than 200, or (ii) it cannot be classified under Korean Standard Classification of Diseases (KCD)

‡ Other chromosomal abnormalities: new chromosomal abnormalities(deletion, duplication, etc) which were detected by scientific and medical technology development and which meets the following criteria ; (i) the abnormalities do not have a specific KCD, and (ii) it can be classified as a disease, not as a symptom

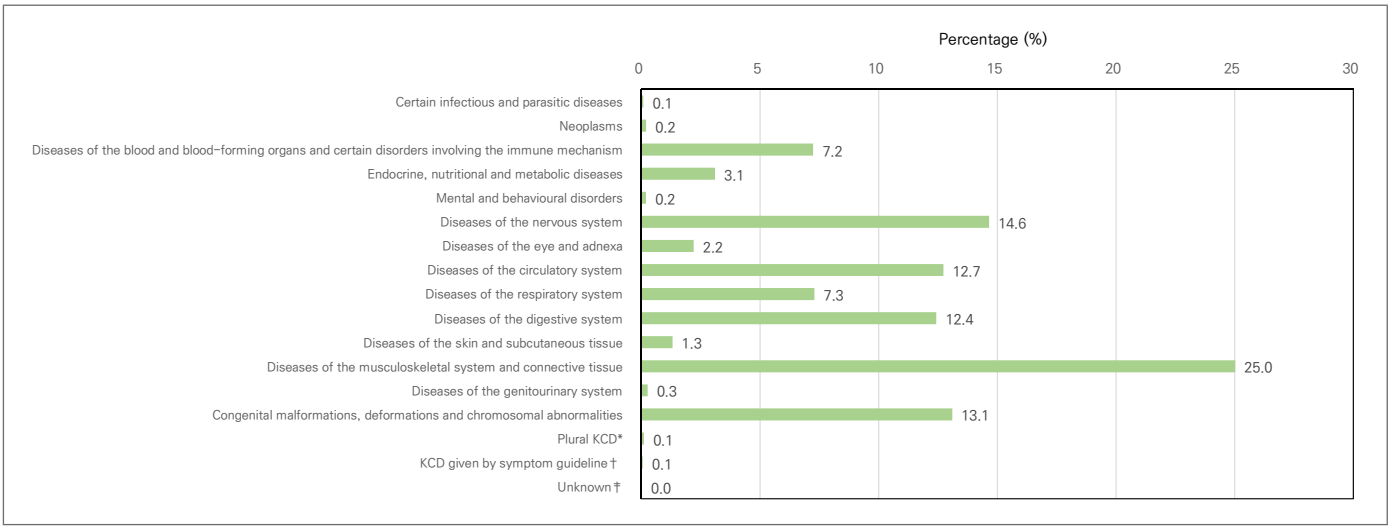


Figure 2. Proportion of rare disease patients by Korean Standard Classification of Diseases (KCD), 2019

*Rare diseases for which plural KCD can be given by the Statistics Korea

† Rare diseases for which KCD is given by the symptom guidelines developed by the Statistics Korea

‡ Rare diseases for which KCD cannot be given because a specific KCD was not entered

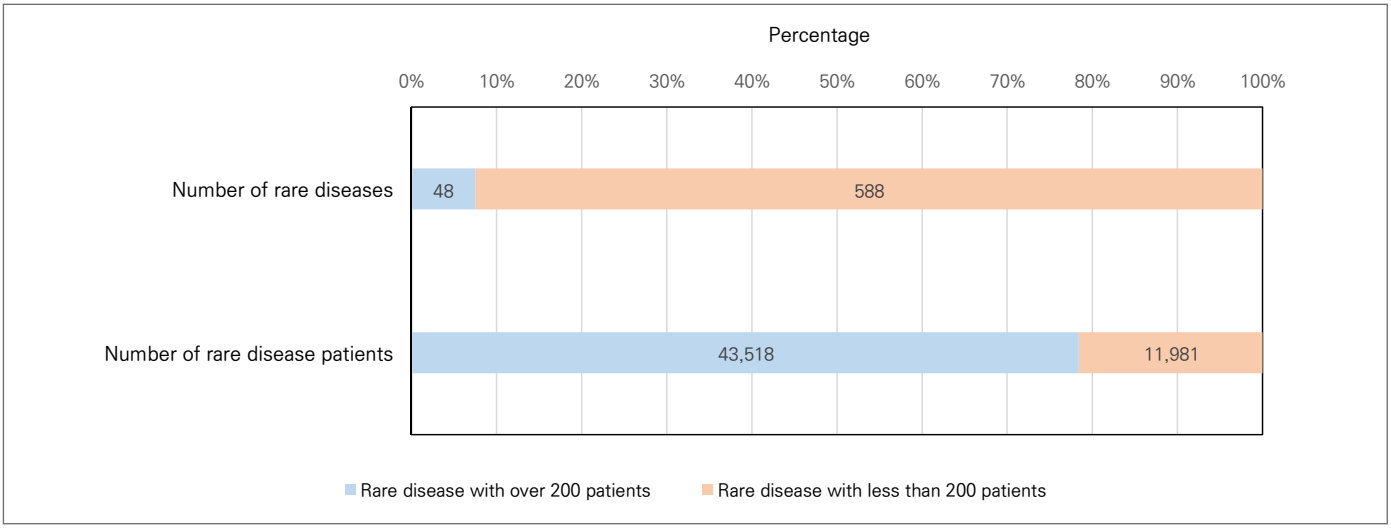


Figure 3. Number of rare diseases and those patients represented depending on whether the number of patients is 200, 2019

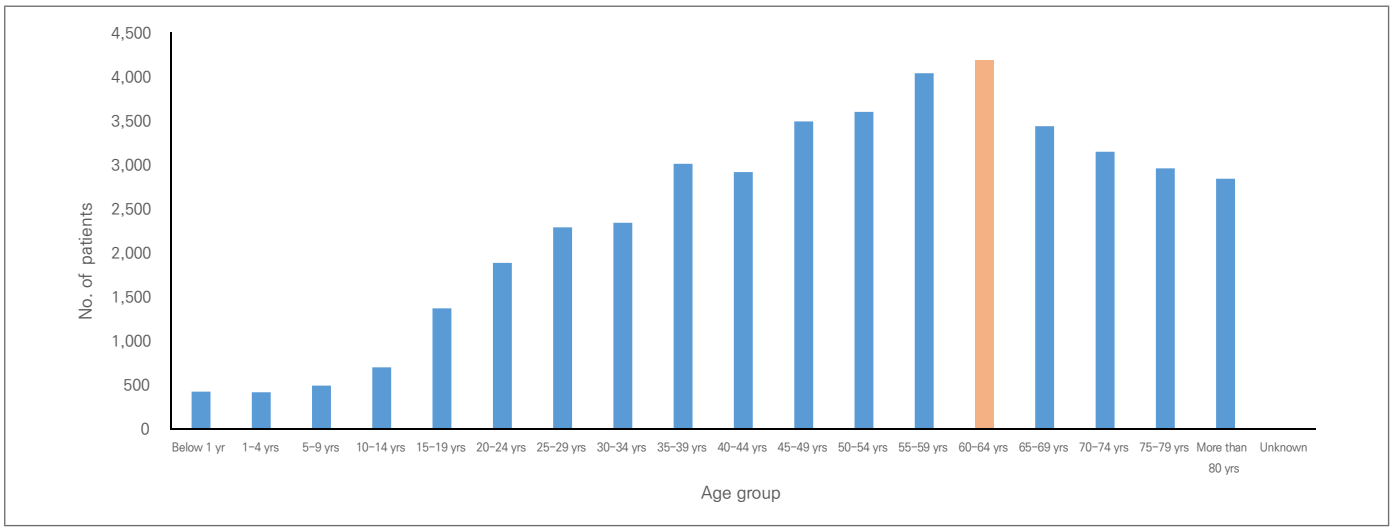


Figure 4. Number of registered rare disease patients by age group, 2019 (for rare diseases with more than 200 registered patients)

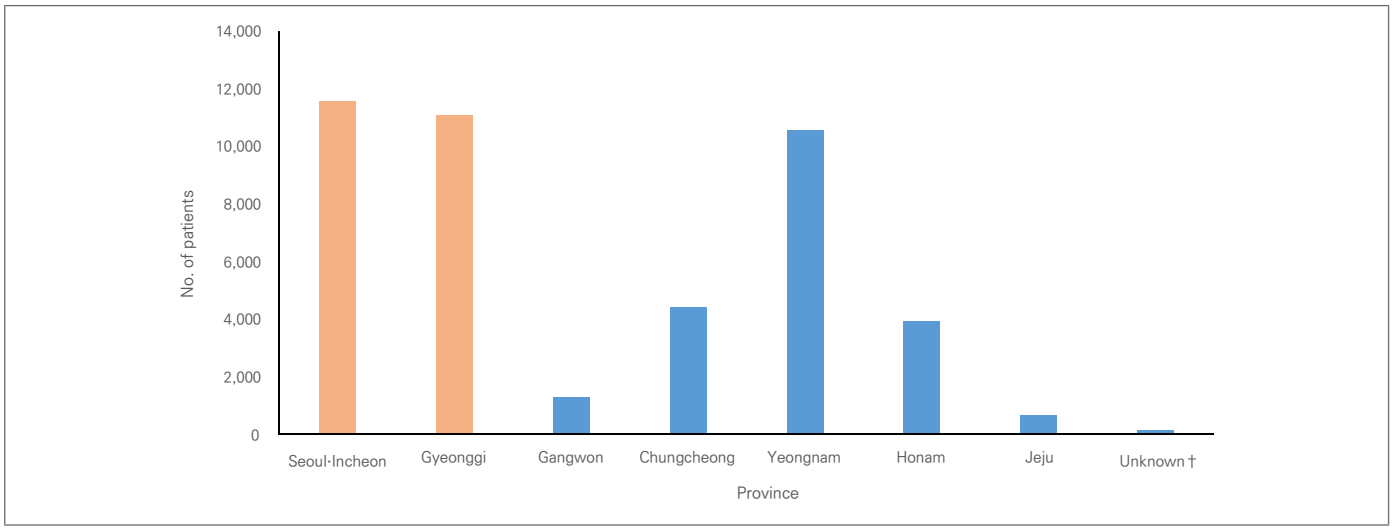


Figure 5. Number of registered rare disease patients by province, 2019 (for rare diseases with more than 200 registered patients)

† Represented as 'unknown' if one of the following cases exists; (i) resident registration place was not available or (ii) information from the application for special case calculation was unclear

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (27주차)

표 1. 2021년 27주차 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)*

단위 : 보고환자수†

감염병†	금주	2021년 누계	5년간 주별 평균§	연간현황					금주 해외유입현황 : 국가명(신고수)
				2020	2019	2018	2017	2016	
제2급감염병									
결핵	395	10,060	530	19,933	23,821	26,433	28,161	30,892	
수두	348	10,889	1,353	31,430	82,868	96,467	80,092	54,060	
홍역	0	0	0	6	194	15	7	18	
콜레라	0	0	0	0	1	2	5	4	
장티푸스	7	64	2	39	94	213	128	121	
파라티푸스	7	45	2	58	55	47	73	56	
세균성이질	0	11	3	29	151	191	112	113	
장출혈성대장균감염증	6	88	10	270	146	121	138	104	
A형간염	92	3,259	162	3,989	17,598	2,437	4,419	4,679	
백일해	0	11	10	123	496	980	318	129	
유행성이하선염	153	4,408	380	9,922	15,967	19,237	16,924	17,057	
풍진	0	0	0	0	8	0	7	11	
수막구균 감염증	0	0	0	5	16	14	17	6	
폐렴구균 감염증	3	134	7	345	526	670	523	441	
한센병	0	3	0	3	4				
성홍열	16	382	247	2,300	7,562	15,777	22,838	11,911	
반코마이신내성황색 포도알균(VRSA) 감염증	0	1	0	9	3	0	0	-	
카바페넴내성장내세균 속균종(CRE) 감염증	292	9,514	287	18,113	15,369	11,954	5,717	-	
E형간염	11	209	6	191	-	-	-	-	
제3급감염병									
파상풍	1	17	1	30	31	31	34	24	
B형간염	0	211	9	382	389	392	391	359	
일본뇌염	0	0	0	7	34	17	9	28	
C형간염	135	5,447	238	11,849	9,810	10,811	6,396	-	
말라리아	8	135	32	385	559	576	515	673	
레지오넬라증	6	182	6	368	501	305	198	128	
비브리오패혈증	0	4	1	70	42	47	46	56	
발진열	1	12	0	1	14	16	18	18	
쯔쯔가무시증	16	443	35	4,479	4,005	6,668	10,528	11,105	
렙토스피라증	3	60	2	114	138	118	103	117	
브루셀라증	0	3	0	8	1	5	6	4	
신증후군출혈열	5	106	8	270	399	433	531	575	
후천성면역결핍증(AIDS)	16	353	24	821	1,005	989	1,008	1,060	
크로이츠펠트-야콥병(CJD)	1	62	1	64	53	53	36	42	
뎅기열	0	0	4	43	273	159	171	313	
큐열	1	22	3	69	162	163	96	81	
라임병	0	0	1	18	23	23	31	27	
유비저	0	0	0	1	8	2	2	4	
치쿤구니야열	0	0	0	1	16	3	5	10	
중증열성혈소판감소 증후군(SFTS)	4	36	9	243	223	259	272	165	
지카바이러스감염증	0	0	0	1	3	3	11	16	

* 2020년 · 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계이며, 2021년 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(2016~2020년)의 해당 주의 신고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 신고 건수(총 26주) 평균임

표 2. 지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	결핵			수두			홍역			콜레라		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	395	10,060	13,621	348	10,889	36,403	0	0	38	0	0	0
서울	71	1,633	2,455	41	1,378	4,013	0	0	5	0	0	0
부산	25	675	933	40	740	2,067	0	0	2	0	0	0
대구	11	478	652	23	515	1,946	0	0	2	0	0	0
인천	20	521	721	17	586	1,791	0	0	2	0	0	0
광주	8	238	346	17	404	1,259	0	0	0	0	0	0
대전	13	228	303	0	283	1,039	0	0	5	0	0	0
울산	8	189	280	16	216	1,060	0	0	0	0	0	0
세종	3	55	49	7	127	400	0	0	14	0	0	0
경기	82	2,253	2,929	78	3,056	10,137	0	0	0	0	0	0
강원	23	424	580	16	296	956	0	0	1	0	0	0
충북	12	339	428	13	345	1,002	0	0	0	0	0	0
충남	17	499	653	8	394	1,352	0	0	1	0	0	0
전북	16	404	541	8	414	1,475	0	0	1	0	0	0
전남	21	574	714	29	638	1,412	0	0	2	0	0	0
경북	31	754	980	12	512	1,994	0	0	2	0	0	0
경남	30	673	878	20	787	3,488	0	0	1	0	0	0
제주	4	123	179	3	198	1,012	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	장티푸스			파라티푸스			세균성이질			장출혈성대장균감염증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	7	64	75	7	45	29	0	11	63	6	88	73
서울	0	3	15	0	0	4	0	1	15	0	8	9
부산	2	14	8	2	12	3	0	0	4	0	4	2
대구	1	2	3	0	4	2	0	0	4	0	1	2
인천	0	1	5	0	1	2	0	0	5	1	3	3
광주	0	1	1	0	4	1	0	1	2	1	19	5
대전	0	3	2	0	0	1	0	0	1	0	3	1
울산	1	5	2	0	4	0	0	0	1	0	0	2
세종	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
경기	2	17	16	2	9	5	0	2	13	1	13	28
강원	0	1	2	0	1	1	0	0	1	0	4	3
충북	0	0	2	0	1	1	0	0	1	0	3	2
충남	0	1	4	0	0	1	0	0	4	0	0	1
전북	0	0	1	0	0	2	0	1	2	1	2	1
전남	1	2	2	0	1	2	0	4	3	0	8	5
경북	0	5	4	0	2	1	0	0	4	1	9	3
경남	0	9	5	2	5	2	0	0	2	1	6	2
제주	0	0	2	1	1	1	0	2	1	0	4	4

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	A형간염			백일해			유행성이하선염			풍진		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	92	3,259	3,597	0	11	161	153	4,408	8,819	0	0	2
서울	13	651	679	0	0	23	12	528	1,015	0	0	1
부산	0	47	127	0	0	9	10	258	523	0	0	0
대구	2	37	58	0	0	5	10	206	333	0	0	0
인천	13	273	257	0	0	12	8	220	425	0	0	0
광주	2	54	59	0	0	9	8	134	363	0	0	0
대전	0	73	343	0	0	5	0	130	254	0	0	0
울산	1	16	28	0	0	4	6	146	284	0	0	0
세종	1	19	50	0	0	3	0	41	44	0	0	0
경기	46	1,387	1,091	0	4	27	43	1,278	2,395	0	0	1
강원	5	56	67	0	0	2	6	165	292	0	0	0
충북	5	123	172	0	1	4	9	102	222	0	0	0
충남	0	206	274	0	0	3	7	194	381	0	0	0
전북	0	92	133	0	0	4	8	196	408	0	0	0
전남	0	67	82	0	0	12	10	203	377	0	0	0
경북	2	52	71	0	4	12	6	185	451	0	0	0
경남	0	23	87	0	2	24	9	338	923	0	0	0
제주	2	83	19	0	0	3	1	84	129	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병						제3급감염병					
	수막구균 감염증			성홍열			파상풍			B형간염		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	0	8	16	382	7,381	1	17	15	0	211	188
서울	0	0	2	0	46	1,005	0	2	1	0	21	33
부산	0	0	0	2	21	534	0	1	1	0	13	13
대구	0	0	0	0	5	246	0	2	1	0	5	7
인천	0	0	1	3	23	351	0	0	0	0	12	11
광주	0	0	0	1	50	361	0	0	1	0	10	3
대전	0	0	0	0	6	269	0	1	1	0	3	7
울산	0	0	0	2	15	332	0	0	0	0	4	4
세종	0	0	0	0	2	41	0	0	0	0	3	0
경기	0	0	2	1	101	2,134	0	2	2	0	75	46
강원	0	0	1	0	5	111	0	0	0	0	7	6
충북	0	0	0	2	10	132	1	3	0	0	5	6
충남	0	0	0	0	13	321	0	2	2	0	14	10
전북	0	0	0	1	9	255	0	1	1	0	7	10
전남	0	0	0	1	20	277	0	0	2	0	9	10
경북	0	0	1	0	13	375	0	2	2	0	9	9
경남	0	0	1	2	30	546	0	1	1	0	11	12
제주	0	0	0	1	13	91	0	0	0	0	3	1

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	일본뇌염			말라리아			레지오넬라증			비브리오패혈증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	0	0	8	135	218	6	182	131	0	4	2
서울	0	0	0	1	14	32	0	33	37	0	0	1
부산	0	0	0	0	1	3	0	5	8	0	1	0
대구	0	0	0	0	0	2	0	11	5	0	0	0
인천	0	0	0	1	23	27	0	11	10	0	0	0
광주	0	0	0	0	0	3	2	6	2	0	0	0
대전	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0
울산	0	0	0	0	2	2	0	3	2	0	0	0
세종	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	0	6	87	125	0	30	30	0	2	1
강원	0	0	0	0	4	9	0	3	3	0	0	0
충북	0	0	0	0	2	2	0	5	4	0	0	0
충남	0	0	0	0	1	2	0	3	4	0	0	0
전북	0	0	0	0	0	1	0	13	4	0	0	0
전남	0	0	0	0	0	1	0	15	5	0	1	0
경북	0	0	0	0	0	2	0	8	8	0	0	0
경남	0	0	0	0	1	3	2	11	5	0	0	0
제주	0	0	0	0	0	1	2	24	3	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	발진열			쯔쯔가무시증			렙토스피라증			브루셀라증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	1	12	5	16	443	611	3	60	23	0	3	1
서울	0	0	1	0	13	27	0	1	1	0	0	1
부산	0	0	0	0	19	24	0	3	1	0	0	0
대구	0	0	0	0	14	5	0	1	0	0	0	0
인천	1	8	1	0	6	12	0	3	0	0	0	0
광주	0	0	1	0	11	14	0	2	1	0	0	0
대전	0	0	0	0	3	15	0	1	1	0	0	0
울산	0	0	0	0	5	14	1	1	0	0	0	0
세종	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0
경기	0	3	0	0	28	57	0	5	5	0	2	0
강원	0	0	0	0	4	14	1	13	1	0	0	0
충북	0	0	0	1	8	13	0	8	1	0	0	0
충남	0	0	1	1	36	58	0	9	3	0	0	0
전북	0	0	0	4	119	59	0	5	2	0	0	0
전남	0	0	1	6	104	154	1	2	3	0	1	0
경북	0	0	0	0	8	39	0	6	2	0	0	0
경남	0	0	0	4	58	96	0	0	2	0	0	0
제주	0	1	0	0	6	8	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	신증후군출혈열			크로이츠펠트-야콥병(CJD)			뎅기열			큐열		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	5	106	136	1	62	25	0	0	85	1	22	59
서울	0	1	6	0	7	7	0	0	25	0	1	3
부산	0	0	4	0	6	2	0	0	6	0	1	1
대구	0	4	1	0	4	1	0	0	5	0	0	1
인천	0	2	2	1	5	1	0	0	5	0	1	1
광주	0	2	2	0	1	0	0	0	1	0	0	2
대전	0	0	2	0	2	1	0	0	1	0	2	2
울산	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	1	1
세종	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
경기	0	12	34	0	17	6	0	0	24	0	2	9
강원	0	8	6	0	4	1	0	0	2	0	0	0
충북	0	1	8	0	2	0	0	0	1	1	4	12
충남	0	15	15	0	2	1	0	0	2	0	6	8
전북	3	39	13	0	3	1	0	0	2	0	1	4
전남	1	13	20	0	1	0	0	0	2	0	1	7
경북	0	4	15	0	1	2	0	0	2	0	1	3
경남	1	5	6	0	5	2	0	0	3	0	1	5
제주	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2021. 7. 3. 기준)(27주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병								
	라임병			중증열성혈소판감소증후군(SFTS)			지카바이러스감염증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†	금주	2021년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	0	8	4	36	55	0	0	–
서울	0	0	3	0	1	2	0	0	–
부산	0	0	0	0	0	1	0	0	–
대구	0	0	0	1	1	1	0	0	–
인천	0	0	1	0	0	1	0	0	–
광주	0	0	0	0	0	0	0	0	–
대전	0	0	0	0	1	0	0	0	–
울산	0	0	0	1	2	1	0	0	–
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	–
경기	0	0	1	0	7	7	0	0	–
강원	0	0	1	0	1	8	0	0	–
충북	0	0	0	0	1	1	0	0	–
충남	0	0	1	0	5	7	0	0	–
전북	0	0	0	0	2	3	0	0	–
전남	0	0	0	0	3	3	0	0	–
경북	0	0	1	2	6	7	0	0	–
경남	0	0	0	0	4	8	0	0	–
제주	0	0	0	0	2	5	0	0	–

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (27주차)

1. 인플루엔자 주간 발생 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 1.4명으로 지난주(1.9명) 대비 감소

※ 2020-2021절기 유행기준은 5.8명(/1,000)

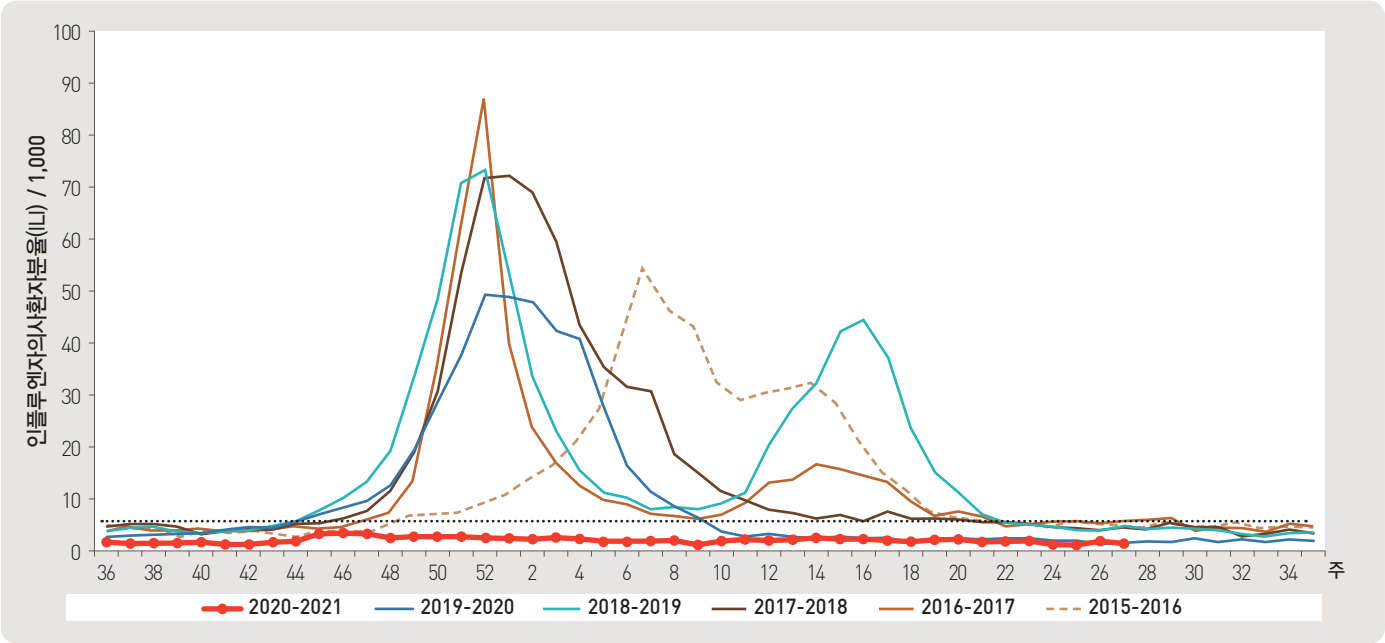


그림 1. 외래 환자 1,000명당 인플루엔자 의사환자 발생 현황

2. 수족구 발생 주간 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주차 수족구병 표본감시(전국 97개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 0.5명으로 전주 0.8명 대비 감소

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

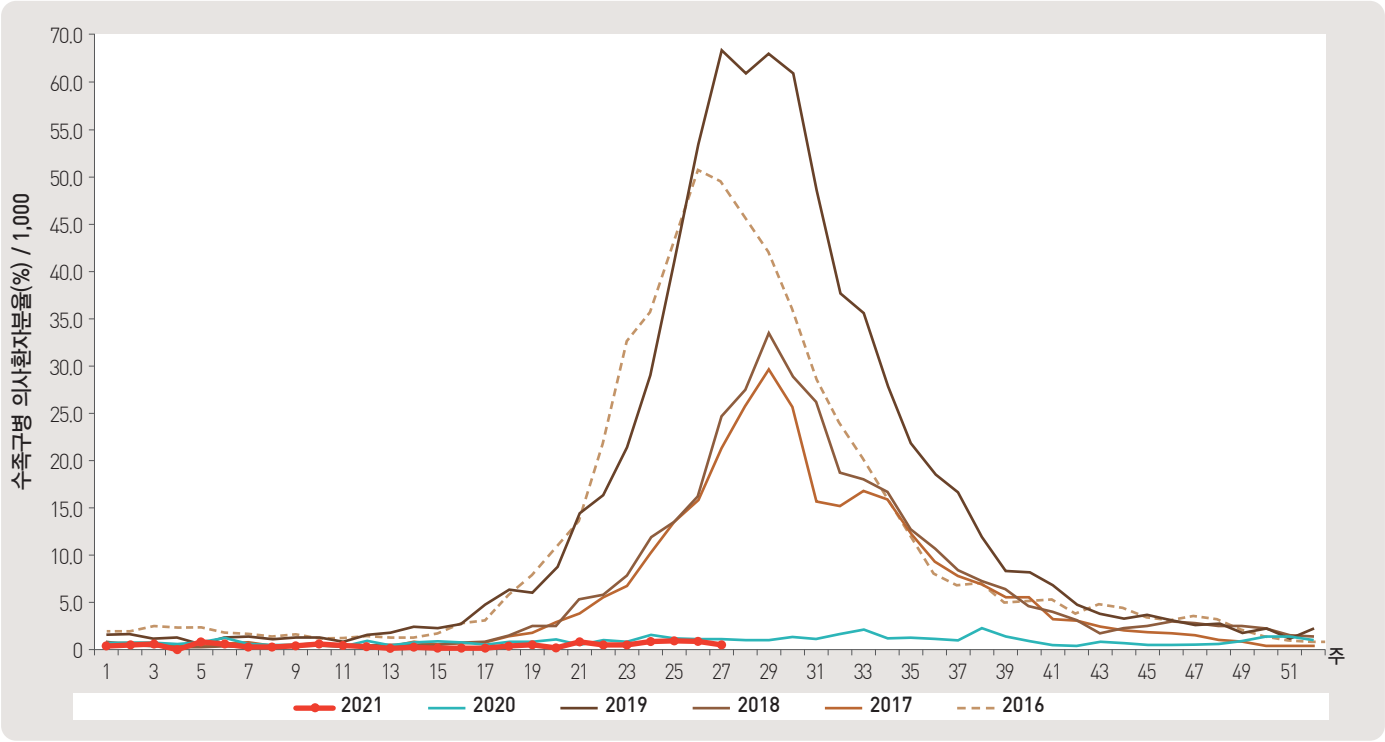


그림 2. 외래 환자 1,000명당 수족구 발생 현황

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

3. 안과 감염병 주간 발생 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주차 유행성각결막염 표본감시(전국 90개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 5.0명으로 전주 4.9명 대비 증가
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.5명으로 전주 0.4명 대비 증가

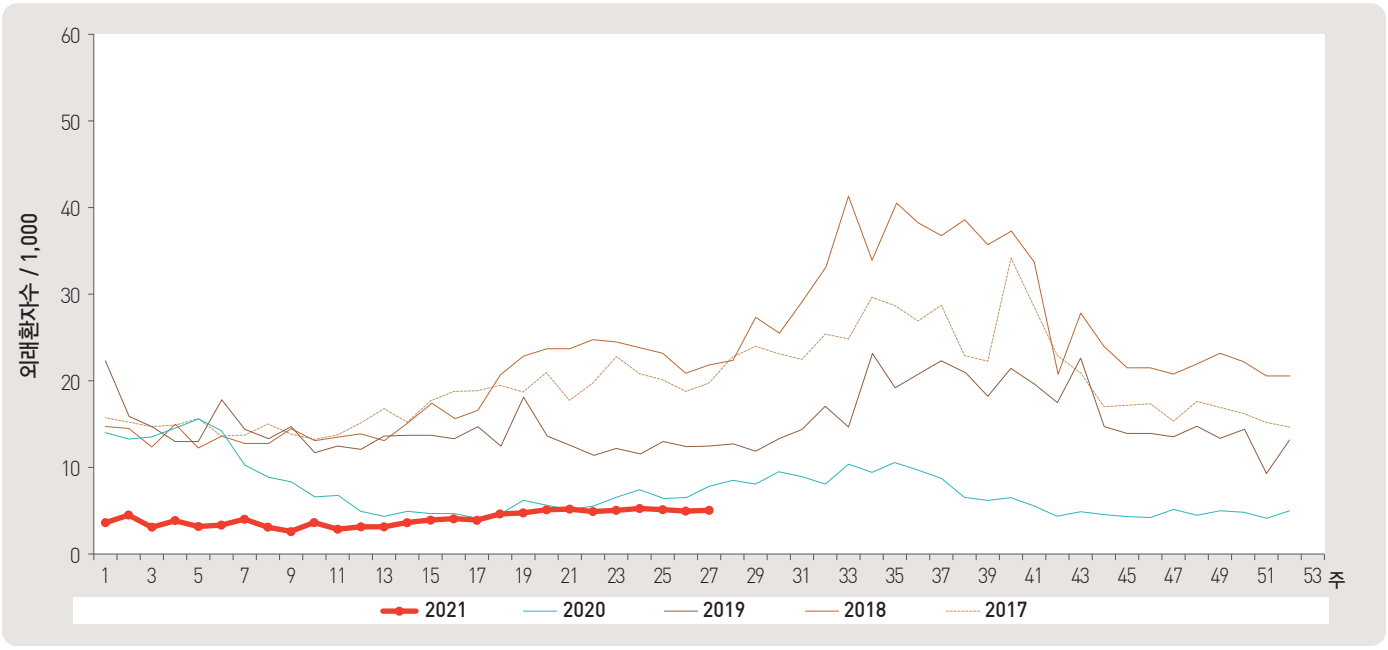


그림 3. 외래 환자 1,000명당 유행성각결막염 발생 현황

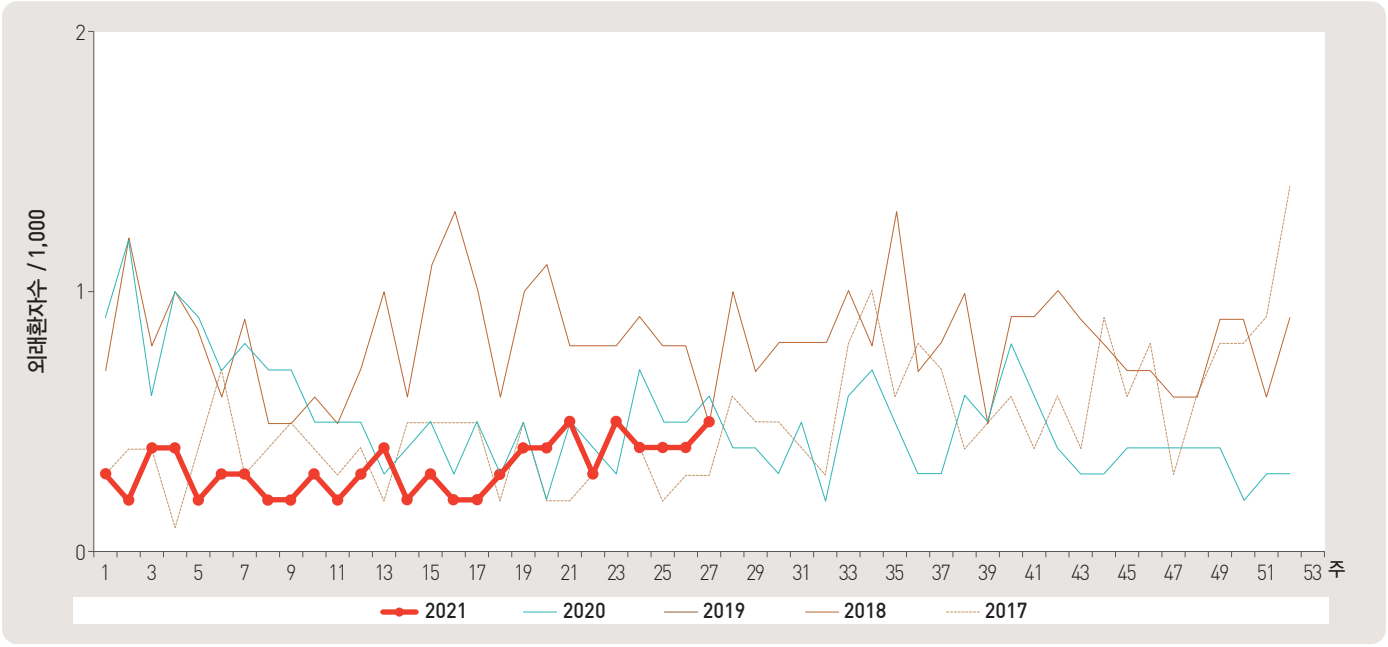


그림 4. 외래 환자 1,000명당 급성출혈성결막염 발생 현황

4. 성매개감염병 주간 발생 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 588개 참여)에서 신고기관 당 사람유두종바이러스 감염증 4.0건, 성기단순포진 3.1건, 클라미디아감염증 2.3건, 첨규콘딜롬 2.2건, 임질 1.3건, 1기 매독 1.0건, 2기 매독 1.0건, 선천성 매독 0.0건을 신고함.

* 제27주차 신고의료기관 수: 임질 9개, 클라미디아감염증 39개, 성기단순포진 39개, 첨규콘딜롬 21개, 사람유두종바이러스 감염증 33개, 1기 매독 4개, 2기 매독 3개, 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	5.1	6.1	2.3	15.0	18.5	3.1.	25.0	23.8	2.2	14.1	14.0

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§
4.0	52.5	9.0	1.0	1.9	0.4	1.0	2.0	0.5	0.0	1.0	0.2

누계 : 매년 첫 주부터 금주까지의 보고 누계
† 각 질병별로 규정된 신고 범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고 건을 포함
§ 최근 5년('16–'20) 누적 평균(Cum. 5-year average) : 최근 5년 1주차부터 금주까지 누적 환자 수 평균

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (27주차)

▣ 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주에 집단발생이 15건(사례수 225명)이 발생하였으며 누적발생건수는 277건(사례수 3,894명)이 발생함.

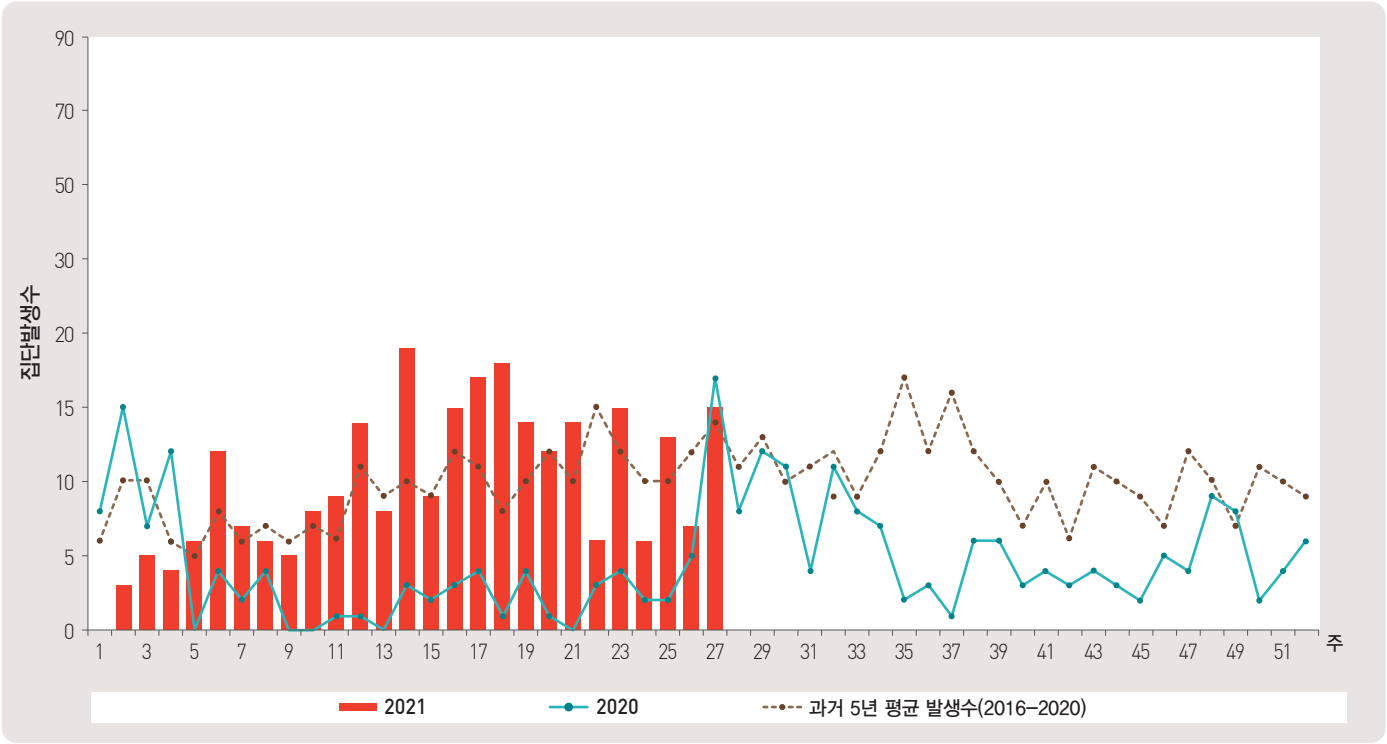


그림 5. 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 현황

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황(27주차)

1. 인플루엔자 바이러스 주간 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주에 전국 63개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 75건 중 양성 없음.

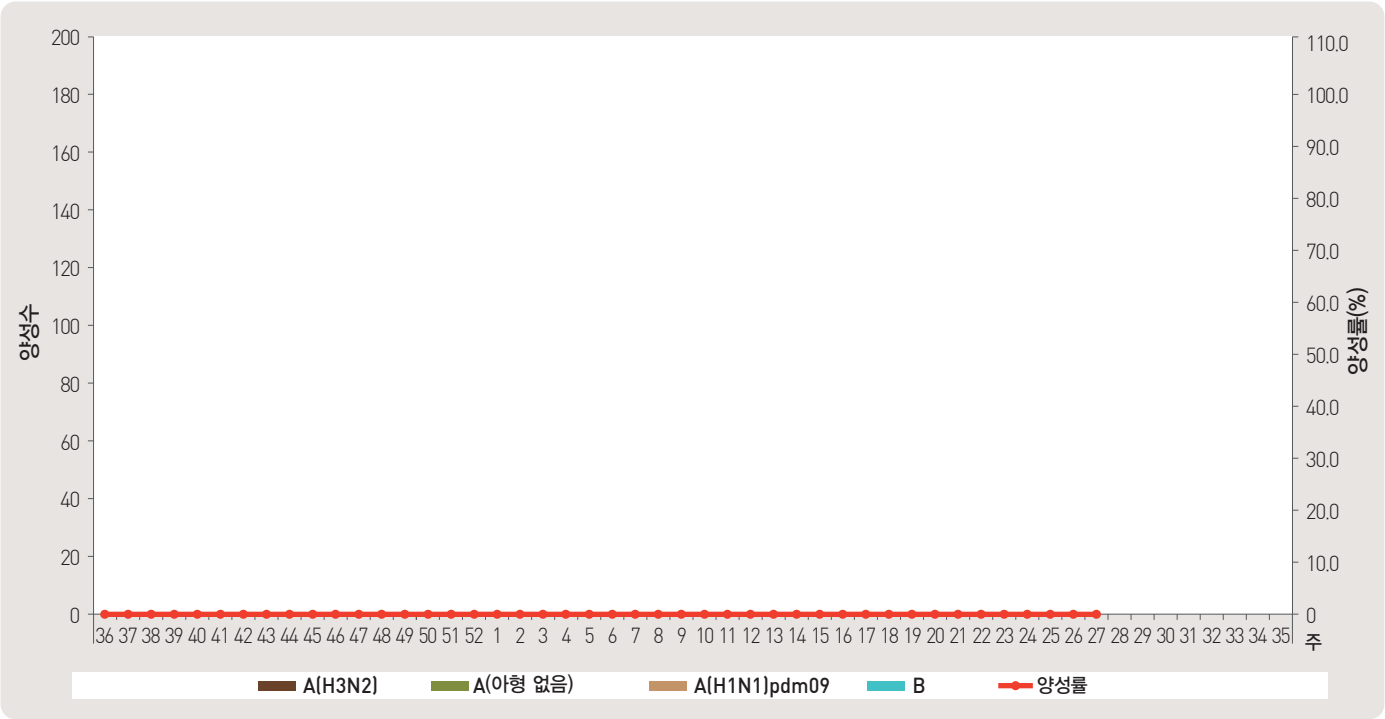


그림 6. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2. 호흡기 바이러스 주간 현황(27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년도 제27주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 74.7%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
  (최근 4주 평균 88개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2021 (주)	주별		검출률 (%)							
	검체 건수	검출률 (%)	아데노 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	인플루엔자 바이러스	코로나 바이러스	리노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스
24	101	78.2	9.9	0.0	0.0	0.0	0.0	51.5	16.8	0.0
25	87	86.2	26.4	0.0	0.0	0.0	0.0	43.7	16.1	0.0
26	88	70.5	9.1	0.0	0.0	0.0	0.0	51.1	10.2	0.0
27	75	74.7	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	41.3	18.7	0.0
4주 누적※	351	77.5	14.8	0.0	0.0	0.0	0.0	47.3	15.4	0.0
2020년 누적∀	5,819	48.6	6.5	0.4	3.1	12.0	3.4	18.4	3.5	1.4

※ 4주 누적 : 2021년 6월 6일 – 2021년 7월 3일 검출률임 (지난 4주간 평균 88개의 검체에서 검출된 수의 평균).
∀ 2020년 누적 : 2019년 12월 29일 – 2020년 12월 26일 검출률임.

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

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 감시 현황 (26주차)

▣ 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 검출 현황(26주차, 2021. 6. 26. 기준)

- 2021년도 제26주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 원인 바이러스 검출 건수는 6건(13.0%), 세균 검출 건수는 28건(23.1%) 이었음.

◆ 급성설사질환 바이러스

주		검체수	검출 건수(검출률, %)					
			노로바이러스	그룹 A 로타바이러스	장내 아데노바이러스	아스트로바이러스	사포바이러스	합계
2021	23	71	14(19.7)	1(1.4)	4(5.6)	4(5.6)	0(0.0)	23(32.4)
	24	69	11(15.9)	0(0.0)	1(1.4)	6(8.7))	0(0.0)	18(26.1)
	25	62	9(14.5)	0(0.0)	3(4.8)	2(3.2)	0(0.0)	14(22.6)
	26	46	6(13.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	6(13.0)
2021년 누적		1,853	541(29.2)	22(1.2)	29(1.6)	90(4.9)	2(0.1)	684(36.9)

* 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
2021	23	242	4 (1.7)	12 (5.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	7 (2.9)	5 (2.1)	7 (2.9)	0 (0.0)	36 (14.9)
	24	209	8 (3.8)	16 (7.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (2.9)	8 (3.8)	10 (4.8)	7 (3.3)	55 (26.3)
	25	201	7 (3.5)	14 (7.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (2.0)	8 (4.0)	12 (6.0)	2 (1.0)	47 (23.4)
	26	121	4 (3.3)	8 (6.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (4.1)	1 (0.8)	9 (7.4)	1 (0.8)	28 (23.1)
2021년 누적		5,172	91 (1.8)	136 (2.6)	2 (0.04)	0 (0.0)	0 (0.0)	79 (1.5)	132 (2.6)	199 (3.8)	64 (1.2)	716 (13.8)

* 2020년 실험실 감시체계 참여기관(69개 의료기관)

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

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 주간 감시 현황 (26주차)

▣ 엔테로바이러스 주간 검출 현황(26주차, 2021. 6. 26. 기준)

- 2021년도 제26주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원, 전국 60개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 0.0%(0건 양성/4검체), 2021년 누적 양성률 0.9%(2건 양성/224검체)임.

  – 무균성수막염 0건(2021년 누적 1건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2021년 누적 1건), 합병증 동반 수족구 0건(2021년 누적 0건), 기타 0건(2021년 누적 0건)임.

◆ 무균성수막염

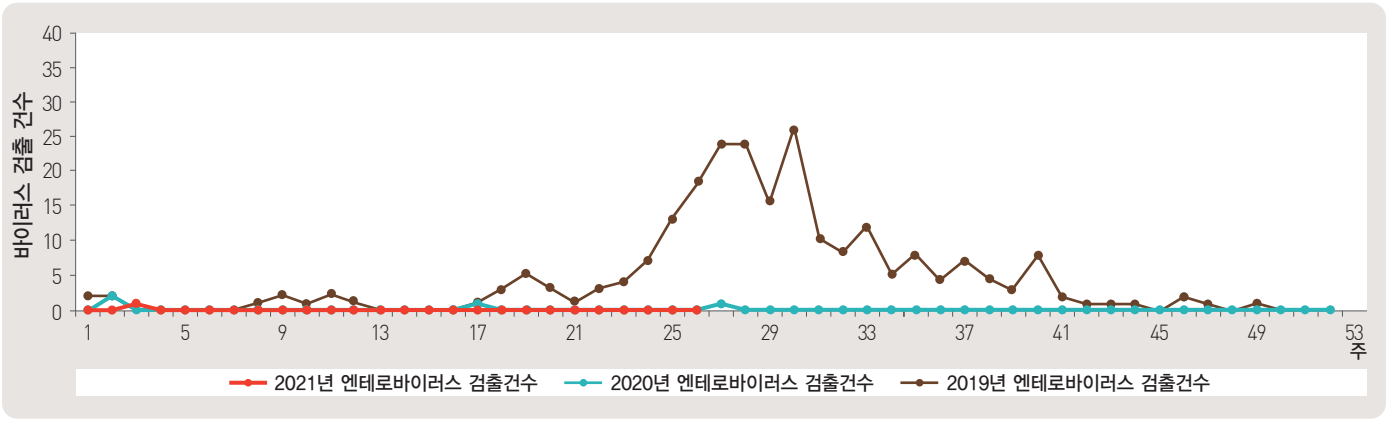


그림 7. 무균성수막염 바이러스 검출수

◆ 수족구병 및 포진성구협염

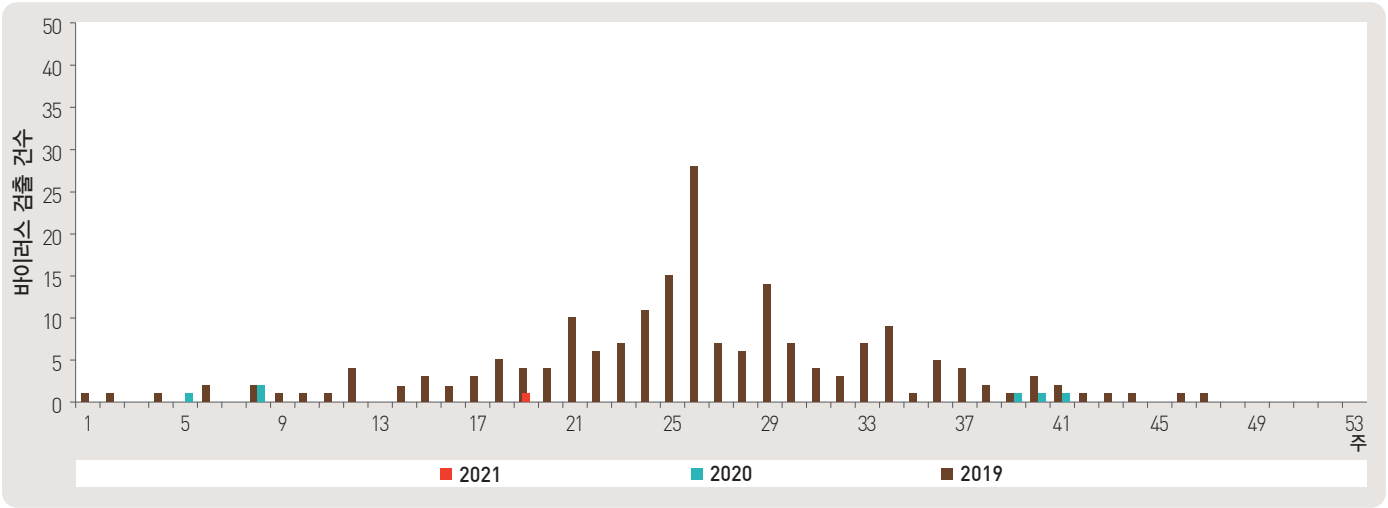


그림 8. 수족구 및 포진성구협염 바이러스 검출수

◆ 합병증 동반 수족구

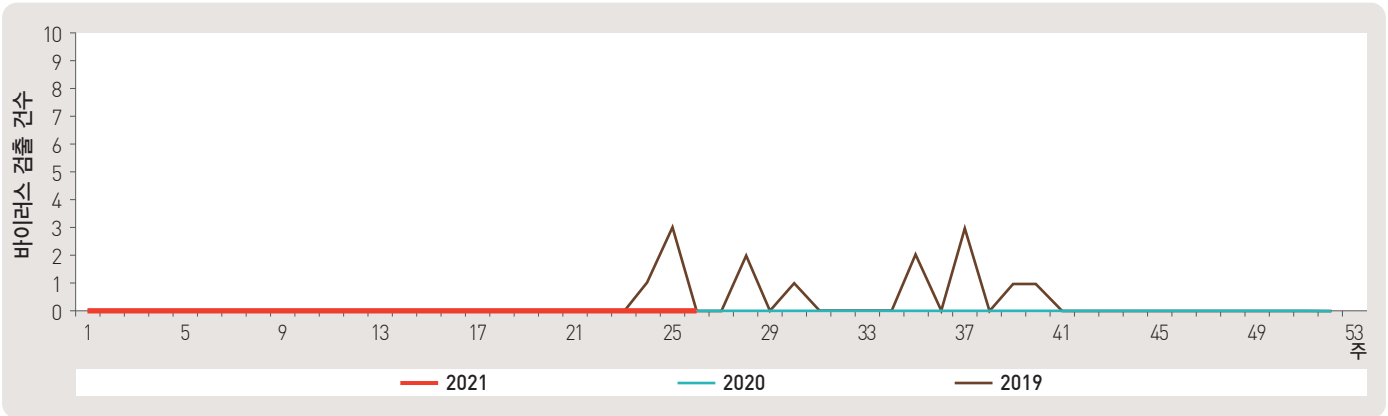


그림 9. 합병증 동반 수족구 바이러스 검출수

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

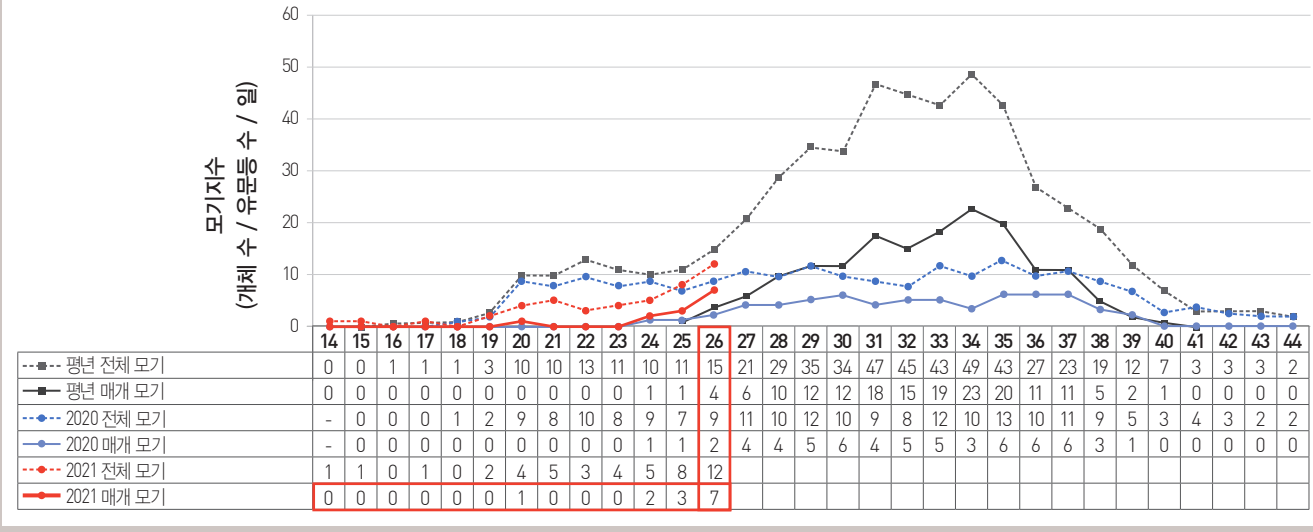
3.1 매개체감시 / 말라리아 매개모기 주간 감시현황 (26주차)

▣ 말라리아 매개모기 주간 검출 현황(26주차, 2021. 6. 26. 기준)

- 2021년도 제26주 말라리아 매개모기 주간 발생현황(3개 시·도, 총 50개 채집지점)
  - 전체모기 : 평균 12개체로 평년 15개체 대비 3개체 감소 및 전년 9개체 대비 3개체 증가
  - 말라리아 매개모기 : 평균 7개체로 평년 4개체 대비 3개체, 전년 2개체 대비 5개체 증가
    * 전체 채집 매개모기 1,837개체 중 1,739개체(94.7 %)가 한 지점(군내면 조산리)에서 채집됨

※ 모기수 산출법 : 1주일간 유문등에 채집된 모기의 평균수(개체수/트랩/일)

※ 2020년에는 보건소·보건환경연구원의 현안업무(코로나바이러스감염증-19) 대응으로 14주차 미채집



	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
평년 전체 모기	0	0	1	1	1	3	10	10	13	11	10	11	15	21	29	35	34	47	45	43	49	43	27	23	19	12	7	3	3	3	2
평년 매개 모기	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	4	6	10	12	12	18	15	19	23	20	11	11	5	2	1	0	0	0	0
2020 전체 모기	-	0	0	0	1	2	9	8	10	8	9	7	9	11	10	12	10	9	8	12	10	13	10	11	9	5	3	4	3	2	2
2020 매개 모기	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	4	4	5	6	4	5	5	3	6	6	6	3	1	0	0	0	0	0
2021 전체 모기	1	1	0	1	0	2	4	5	3	4	5	8	12																		
2021 매개 모기	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	3	7																		

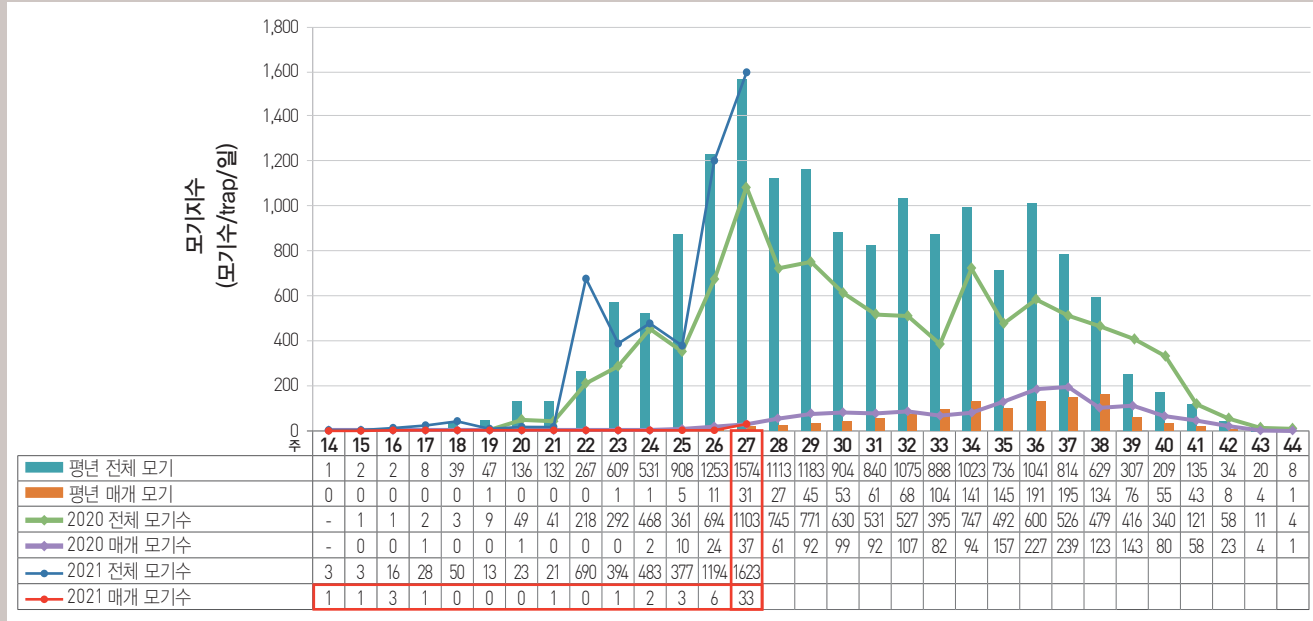
그림 10. 말라리아 매개모기 검출수

3.2 매개체감시 / 일본뇌염 매개모기 주간 발생 현황 (27주차)

▣ 일본뇌염 매개모기 주간 발생 현황 (27주차, 2021. 7. 3. 기준)

- 2021년 제27주 일본뇌염 매개모기 주간 발생현황 : 9개 시·도 보건환경연구원(총 9개 지점)
  - 전체모기 수 : 평균 1,623개체 [평년 1,574개체 대비 49개체 및 전년 1,103개체 대비 520개체 증가]
  - 일본뇌염 매개모기 : 평균 33개체 [평년 31개체 대비 2개체 높은 수준 및 전년 37개체 대비 4개체 낮은 수준]

※ 전년(2020년) 14주차의 경우 코로나바이러스감염증-19(COVID-19)로 인해 데이터 없음.



	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
평년 전체 모기	1	2	2	8	39	47	136	132	267	609	531	908	1253	1574	1113	1183	904	840	1075	888	1023	736	1041	814	629	307	209	135	34	20	8
평년 매개 모기	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	5	11	31	27	45	53	61	68	104	141	145	191	195	134	76	55	43	8	4	1
2020 전체 모기수	-	1	1	2	3	9	49	41	218	292	468	361	694	1103	745	771	630	531	527	395	747	492	600	526	479	416	340	121	58	11	4
2020 매개 모기수	-	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	10	24	37	61	92	99	92	107	82	94	157	227	239	123	143	80	58	23	4	1
2021 전체 모기수	3	3	16	28	50	13	23	21	690	394	483	377	1194	1623																	
2021 매개 모기수	1	1	3	1	0	0	0	1	0	1	2	3	6	33																	

그림 11. 일본뇌염 매개모기 주간 발생 현황

주요 통계 이해하기

〈통계표 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2021년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 금주 환자 수(Current week)는 2021년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 2021년 누계 환자수(Cum. 2021)는 2021년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 지난 5년(2016-2020년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 26주) 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) 2021년 12주의 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 2016년부터 2020년의 11주부터 14주까지의 신고 건수를 총 26주로 나눈 값으로 구해진다.

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

	11주	11주	12주	13주	14주
2021년			해당 주		
2020년	X1	X2	X3	X4	X5
2019년	X6	X7	X8	X9	X10
2018년	X11	X12	X13	X14	X15
2017년	X16	X17	X18	X19	X20
2016년	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 2021년 누계 환자수(Cum, 2021)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(2016-2020년) 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Classification of disease ‡	Current week	Cum. 2021	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
				2020	2019	2018	2017	2016	
Category Ⅱ									
Tuberculosis	395	10,060	530	19,933	23,821	26,433	28,161	30,892	
Varicella	348	10,889	1,353	31,430	82,868	96,467	80,092	54,060	
Measles	0	0	0	6	194	15	7	18	
Cholera	0	0	0	0	1	2	5	4	
Typhoid fever	7	64	2	39	94	213	128	121	
Paratyphoid fever	7	45	2	58	55	47	73	56	
Shigellosis	0	11	3	29	151	191	112	113	
EHEC	6	88	10	270	146	121	138	104	
Viral hepatitis A	92	3,259	162	3,989	17,598	2,437	4,419	4,679	
Pertussis	0	11	10	123	496	980	318	129	
Mumps	153	4,408	380	9,922	15,967	19,237	16,924	17,057	
Rubella	0	0	0	0	8	0	7	11	
Meningococcal disease	0	0	0	5	16	14	17	6	
Pneumococcal disease	3	134	7	345	526	670	523	441	
Hansen's disease	0	3	0	3	4				
Scarlet fever	16	382	247	2,300	7,562	15,777	22,838	11,911	
VRSA	0	1	0	9	3	0	0	-	
CRE	292	9,514	287	18,113	15,369	11,954	5,717	-	
Viral hepatitis E	11	209	6	191	-	-	-	-	
Category Ⅲ									
Tetanus	1	17	1	30	31	31	34	24	
Viral hepatitis B	0	211	9	382	389	392	391	359	
Japanese encephalitis	0	0	0	7	34	17	9	28	
Viral hepatitis C	135	5,447	238	11,849	9,810	10,811	6,396	-	
Malaria	8	135	32	385	559	576	515	673	
Legionellosis	6	182	6	368	501	305	198	128	
Vibrio vulnificus sepsis	0	4	1	70	42	47	46	56	
Murine typhus	1	12	0	1	14	16	18	18	
Scrub typhus	16	443	35	4,479	4,005	6,668	10,528	11,105	
Leptospirosis	3	60	2	114	138	118	103	117	
Brucellosis	0	3	0	8	1	5	6	4	
HFRS	5	106	8	270	399	433	531	575	
HIV/AIDS	16	353	24	821	1,005	989	1,008	1,060	
CJD	1	62	1	64	53	53	36	42	
Dengue fever	0	0	4	43	273	159	171	313	
Q fever	1	22	3	69	162	163	96	81	
Lyme Borreliosis	0	0	1	18	23	23	31	27	
Melioidosis	0	0	0	1	8	2	2	4	
Chikungunya fever	0	0	0	1	16	3	5	10	
SFTS	4	36	9	243	223	259	272	165	
Zika virus infection	0	0	0	1	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, 2021 are provisional but the data from 2016 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Tuberculosis			Varicella			Measles			Cholera		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	395	10,060	13,621	348	10,889	36,403	0	0	38	0	0	0
Seoul	71	1,633	2,455	41	1,378	4,013	0	0	5	0	0	0
Busan	25	675	933	40	740	2,067	0	0	2	0	0	0
Daegu	11	478	652	23	515	1,946	0	0	2	0	0	0
Incheon	20	521	721	17	586	1,791	0	0	2	0	0	0
Gwangju	8	238	346	17	404	1,259	0	0	0	0	0	0
Daejeon	13	228	303	0	283	1,039	0	0	5	0	0	0
Ulsan	8	189	280	16	216	1,060	0	0	0	0	0	0
Sejong	3	55	49	7	127	400	0	0	14	0	0	0
Gyonggi	82	2,253	2,929	78	3,056	10,137	0	0	0	0	0	0
Gangwon	23	424	580	16	296	956	0	0	1	0	0	0
Chungbuk	12	339	428	13	345	1,002	0	0	0	0	0	0
Chungnam	17	499	653	8	394	1,352	0	0	1	0	0	0
Jeonbuk	16	404	541	8	414	1,475	0	0	1	0	0	0
Jeonnam	21	574	714	29	638	1,412	0	0	2	0	0	0
Gyeongbuk	31	754	980	12	512	1,994	0	0	2	0	0	0
Gyeongnam	30	673	878	20	787	3,488	0	0	1	0	0	0
Jeju	4	123	179	3	198	1,012	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic *Escherichia coli*		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	7	64	75	7	45	29	0	11	63	6	88	73
Seoul	0	3	15	0	0	4	0	1	15	0	8	9
Busan	2	14	8	2	12	3	0	0	4	0	4	2
Daegu	1	2	3	0	4	2	0	0	4	0	1	2
Incheon	0	1	5	0	1	2	0	0	5	1	3	3
Gwangju	0	1	1	0	4	1	0	1	2	1	19	5
Daejeon	0	3	2	0	0	1	0	0	1	0	3	1
Ulsan	1	5	2	0	4	0	0	0	1	0	0	2
Sejong	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Gyonggi	2	17	16	2	9	5	0	2	13	1	13	28
Gangwon	0	1	2	0	1	1	0	0	1	0	4	3
Chungbuk	0	0	2	0	1	1	0	0	1	0	3	2
Chungnam	0	1	4	0	0	1	0	0	4	0	0	1
Jeonbuk	0	0	1	0	0	2	0	1	2	1	2	1
Jeonnam	1	2	2	0	1	2	0	4	3	0	8	5
Gyeongbuk	0	5	4	0	2	1	0	0	4	1	9	3
Gyeongnam	0	9	5	2	5	2	0	0	2	1	6	2
Jeju	0	0	2	1	1	1	0	2	1	0	4	4

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Viral hepatitis A			Pertussis			Mumps			Rubella		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	92	3,259	3,597	0	11	161	153	4,408	8,819	0	0	2
Seoul	13	651	679	0	0	23	12	528	1,015	0	0	1
Busan	0	47	127	0	0	9	10	258	523	0	0	0
Daegu	2	37	58	0	0	5	10	206	333	0	0	0
Incheon	13	273	257	0	0	12	8	220	425	0	0	0
Gwangju	2	54	59	0	0	9	8	134	363	0	0	0
Daejeon	0	73	343	0	0	5	0	130	254	0	0	0
Ulsan	1	16	28	0	0	4	6	146	284	0	0	0
Sejong	1	19	50	0	0	3	0	41	44	0	0	0
Gyonggi	46	1,387	1,091	0	4	27	43	1,278	2,395	0	0	1
Gangwon	5	56	67	0	0	2	6	165	292	0	0	0
Chungbuk	5	123	172	0	1	4	9	102	222	0	0	0
Chungnam	0	206	274	0	0	3	7	194	381	0	0	0
Jeonbuk	0	92	133	0	0	4	8	196	408	0	0	0
Jeonnam	0	67	82	0	0	12	10	203	377	0	0	0
Gyeongbuk	2	52	71	0	4	12	6	185	451	0	0	0
Gyeongnam	0	23	87	0	2	24	9	338	923	0	0	0
Jeju	2	83	19	0	0	3	1	84	129	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th 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. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	0	0	8	16	382	7,381	1	17	15	0	211	188
Seoul	0	0	2	0	46	1,005	0	2	1	0	21	33
Busan	0	0	0	2	21	534	0	1	1	0	13	13
Daegu	0	0	0	0	5	246	0	2	1	0	5	7
Incheon	0	0	1	3	23	351	0	0	0	0	12	11
Gwangju	0	0	0	1	50	361	0	0	1	0	10	3
Daejeon	0	0	0	0	6	269	0	1	1	0	3	7
Ulsan	0	0	0	2	15	332	0	0	0	0	4	4
Sejong	0	0	0	0	2	41	0	0	0	0	3	0
Gyonggi	0	0	2	1	101	2,134	0	2	2	0	75	46
Gangwon	0	0	1	0	5	111	0	0	0	0	7	6
Chungbuk	0	0	0	2	10	132	1	3	0	0	5	6
Chungnam	0	0	0	0	13	321	0	2	2	0	14	10
Jeonbuk	0	0	0	1	9	255	0	1	1	0	7	10
Jeonnam	0	0	0	1	20	277	0	0	2	0	9	10
Gyeongbuk	0	0	1	0	13	375	0	2	2	0	9	9
Gyeongnam	0	0	1	2	30	546	0	1	1	0	11	12
Jeju	0	0	0	1	13	91	0	0	0	0	3	1

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Japanese encephalitis			Malaria			Legionellosis			*Vibrio vulnificus* sepsis		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	0	0	0	8	135	218	6	182	131	0	4	2
Seoul	0	0	0	1	14	32	0	33	37	0	0	1
Busan	0	0	0	0	1	3	0	5	8	0	1	0
Daegu	0	0	0	0	0	2	0	11	5	0	0	0
Incheon	0	0	0	1	23	27	0	11	10	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	0	3	2	6	2	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	2	2	0	3	2	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	0	0	6	87	125	0	30	30	0	2	1
Gangwon	0	0	0	0	4	9	0	3	3	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	2	2	0	5	4	0	0	0
Chungnam	0	0	0	0	1	2	0	3	4	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	0	0	1	0	13	4	0	0	0
Jeonnam	0	0	0	0	0	1	0	15	5	0	1	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	0	2	0	8	8	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	0	1	3	2	11	5	0	0	0
Jeju	0	0	0	0	0	1	2	24	3	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	1	12	5	16	443	611	3	60	23	0	3	1
Seoul	0	0	1	0	13	27	0	1	1	0	0	1
Busan	0	0	0	0	19	24	0	3	1	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	14	5	0	1	0	0	0	0
Incheon	1	8	1	0	6	12	0	3	0	0	0	0
Gwangju	0	0	1	0	11	14	0	2	1	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	3	15	0	1	1	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	5	14	1	1	0	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	3	0	0	28	57	0	5	5	0	2	0
Gangwon	0	0	0	0	4	14	1	13	1	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	1	8	13	0	8	1	0	0	0
Chungnam	0	0	1	1	36	58	0	9	3	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	4	119	59	0	5	2	0	0	0
Jeonnam	0	0	1	6	104	154	1	2	3	0	1	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	8	39	0	6	2	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	4	58	96	0	0	2	0	0	0
Jeju	0	1	0	0	6	8	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th 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. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	5	106	136	1	62	25	0	0	85	1	22	59
Seoul	0	1	6	0	7	7	0	0	25	0	1	3
Busan	0	0	4	0	6	2	0	0	6	0	1	1
Daegu	0	4	1	0	4	1	0	0	5	0	0	1
Incheon	0	2	2	1	5	1	0	0	5	0	1	1
Gwangju	0	2	2	0	1	0	0	0	1	0	0	2
Daejeon	0	0	2	0	2	1	0	0	1	0	2	2
Ulsan	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	1	1
Sejong	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	12	34	0	17	6	0	0	24	0	2	9
Gangwon	0	8	6	0	4	1	0	0	2	0	0	0
Chungbuk	0	1	8	0	2	0	0	0	1	1	4	12
Chungnam	0	15	15	0	2	1	0	0	2	0	6	8
Jeonbuk	3	39	13	0	3	1	0	0	2	0	1	4
Jeonnam	1	13	20	0	1	0	0	0	2	0	1	7
Gyeongbuk	0	4	15	0	1	2	0	0	2	0	1	3
Gyeongnam	1	5	6	0	5	2	0	0	3	0	1	5
Jeju	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅳ								
	Lyme Borreliosis			Severe fever with thrombocytopenia syndrome			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
Overall	0	0	8	4	36	55	0	0	–
Seoul	0	0	3	0	1	2	0	0	–
Busan	0	0	0	0	0	1	0	0	–
Daegu	0	0	0	1	1	1	0	0	–
Incheon	0	0	1	0	0	1	0	0	–
Gwangju	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Daejeon	0	0	0	0	1	0	0	0	–
Ulsan	0	0	0	1	2	1	0	0	–
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Gyonggi	0	0	1	0	7	7	0	0	–
Gangwon	0	0	1	0	1	8	0	0	–
Chungbuk	0	0	0	0	1	1	0	0	–
Chungnam	0	0	1	0	5	7	0	0	–
Jeonbuk	0	0	0	0	2	3	0	0	–
Jeonnam	0	0	0	0	3	3	0	0	–
Gyeongbuk	0	0	1	2	6	7	0	0	–
Gyeongnam	0	0	0	0	4	8	0	0	–
Jeju	0	0	0	0	2	5	0	0	–

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 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.

§ 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 July 3, 2021 (27th week)

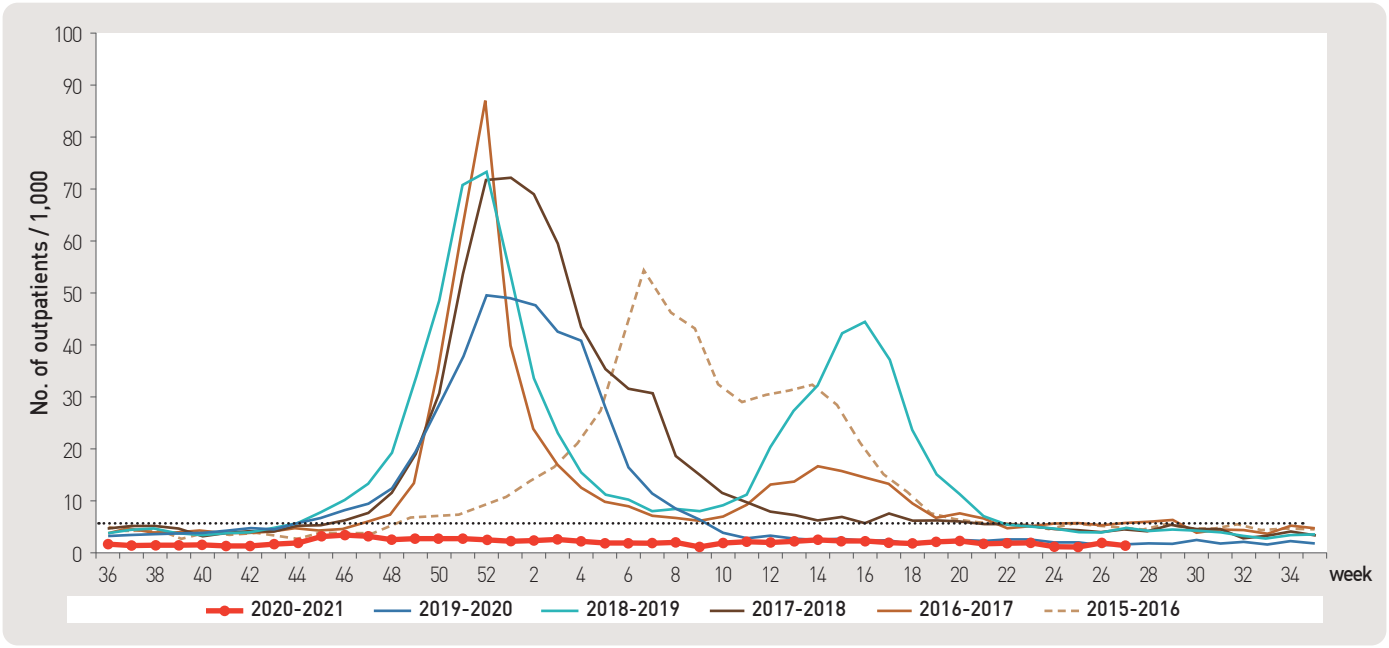


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2017-2018 to 2020-2021 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD), Republic of Korea, weeks ending July 3, 2021 (27th week)

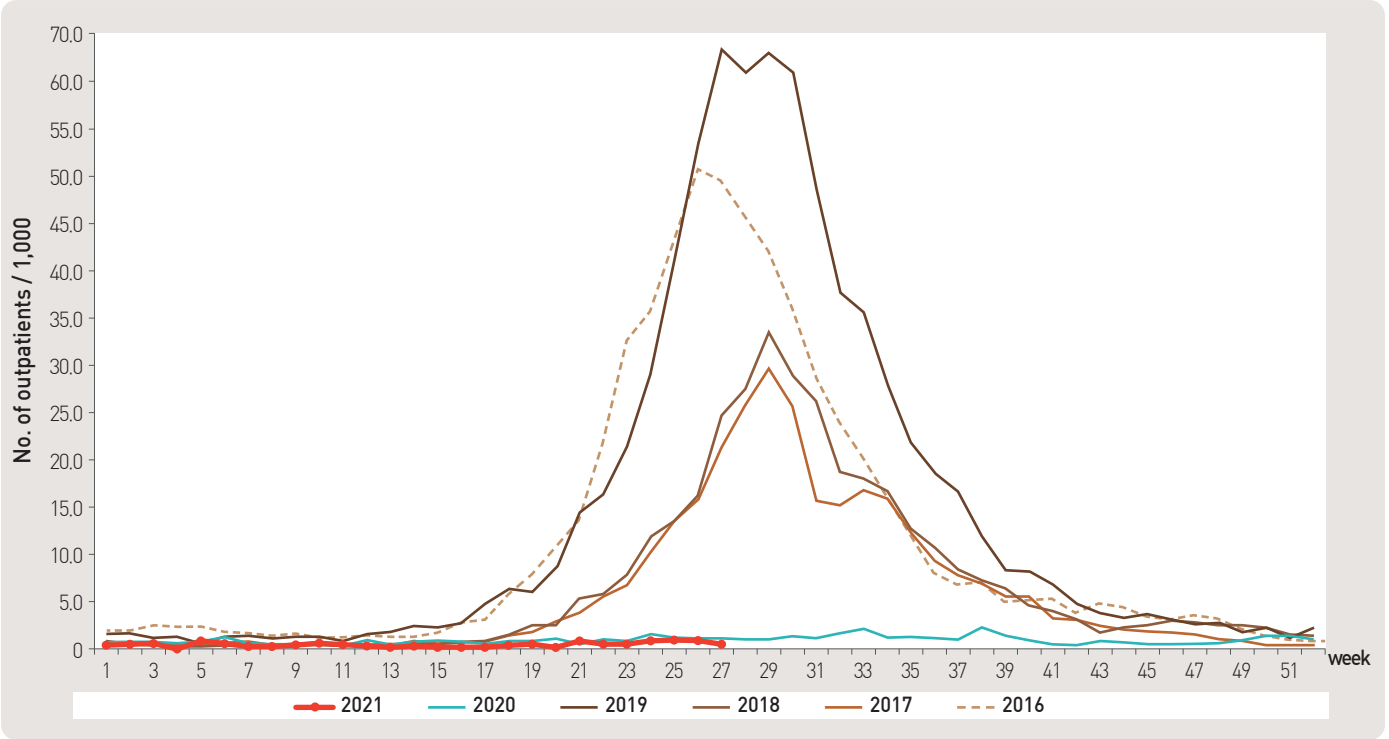


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2016-2021

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending July 3, 2021 (27th week)

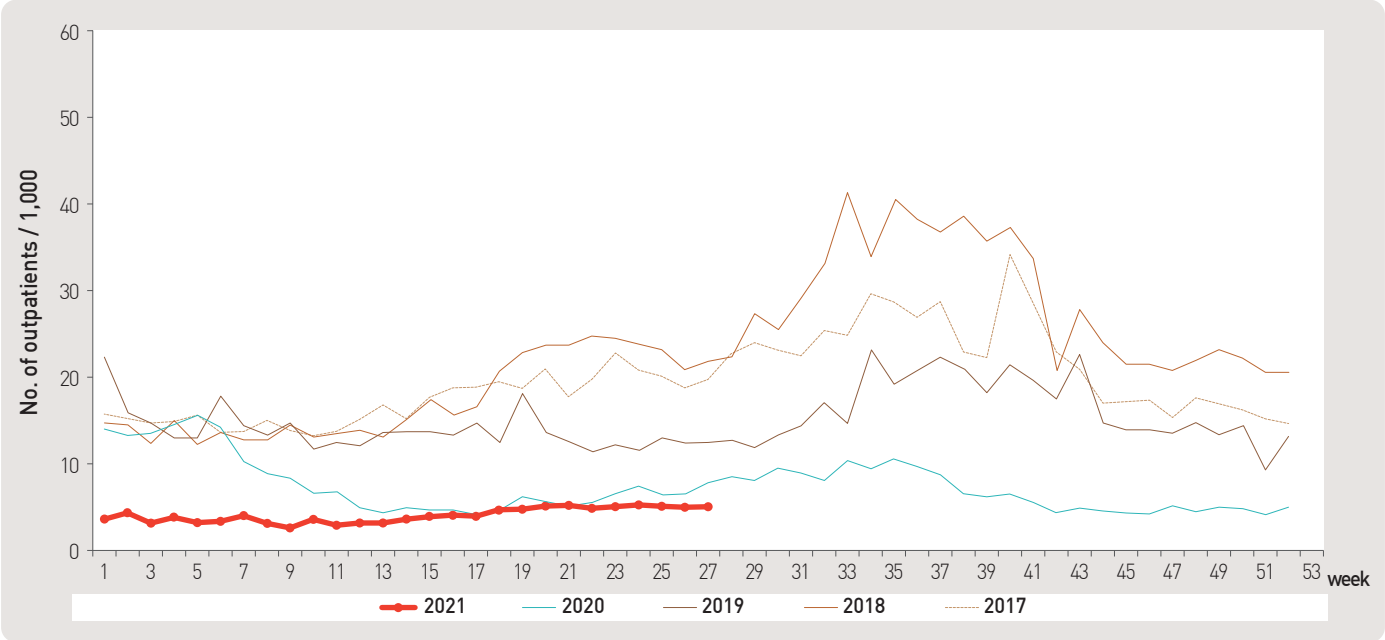


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

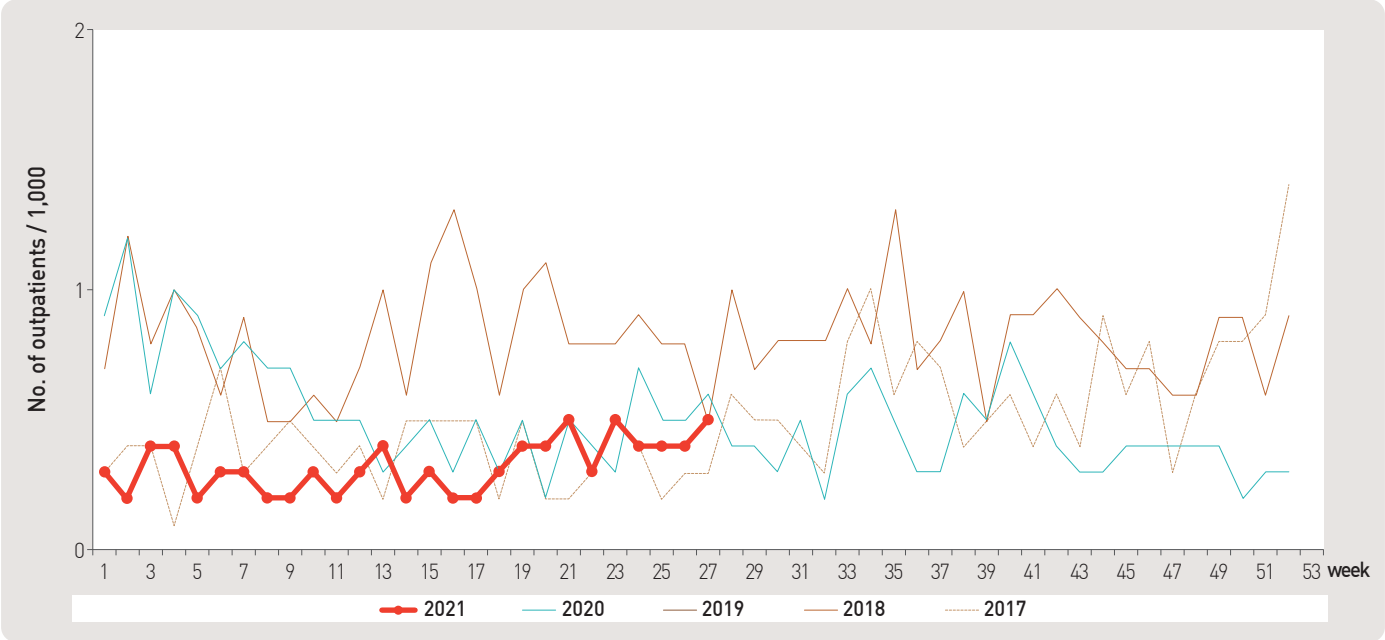


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases†, Republic of Korea, weeks ending July 3, 2021 (27th week)

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
1.3	5.1	6.1	2.3	15.0	18.5	3.1.	25.0	23.8	2.2	14.1	14.0

Human Papilloma virus infection			Syphilis								
			Primary			Secondary			Congenital		
Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average§
4.0	52.5	9.0	1.0	1.9	0.4	1.0	2.0	0.5	0.0	1.0	0.2

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 July 3, 2021 (27th week)

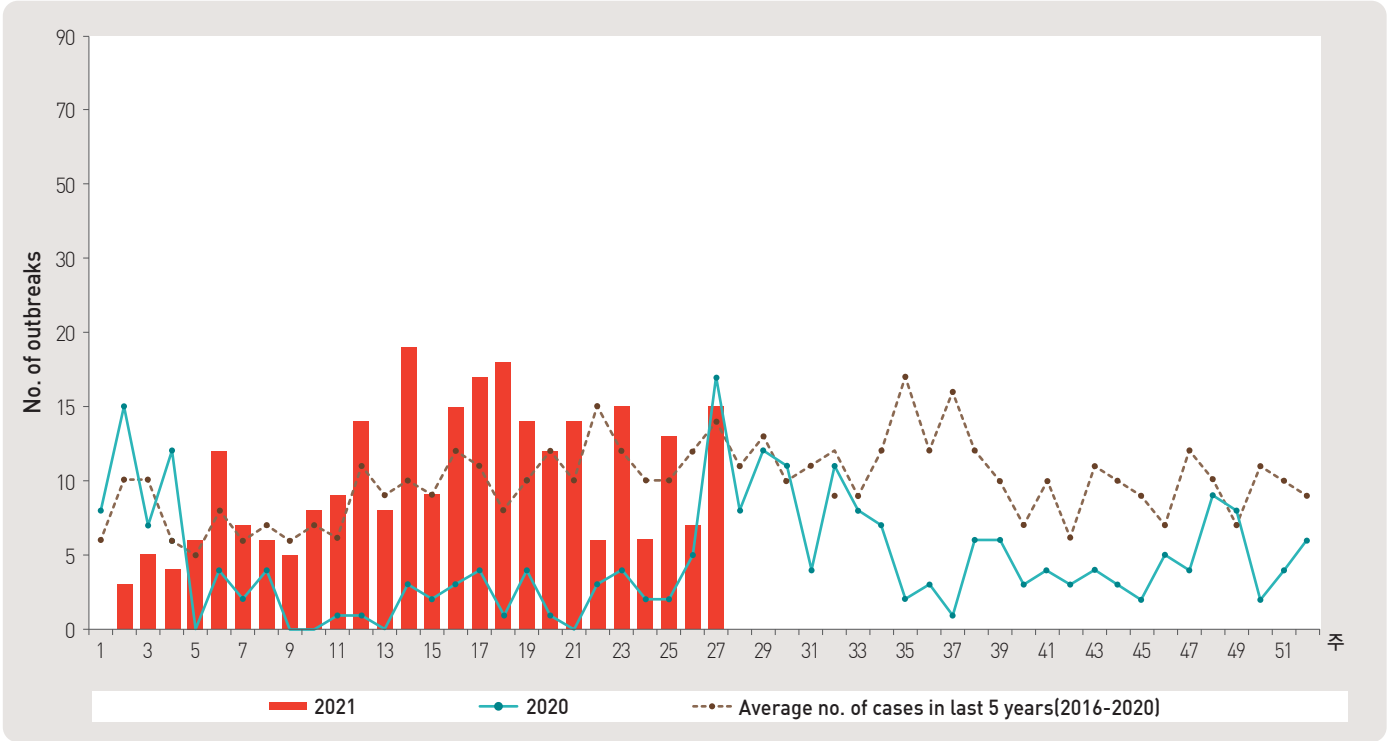


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2020–2021

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending July 3, 2021 (27th week)

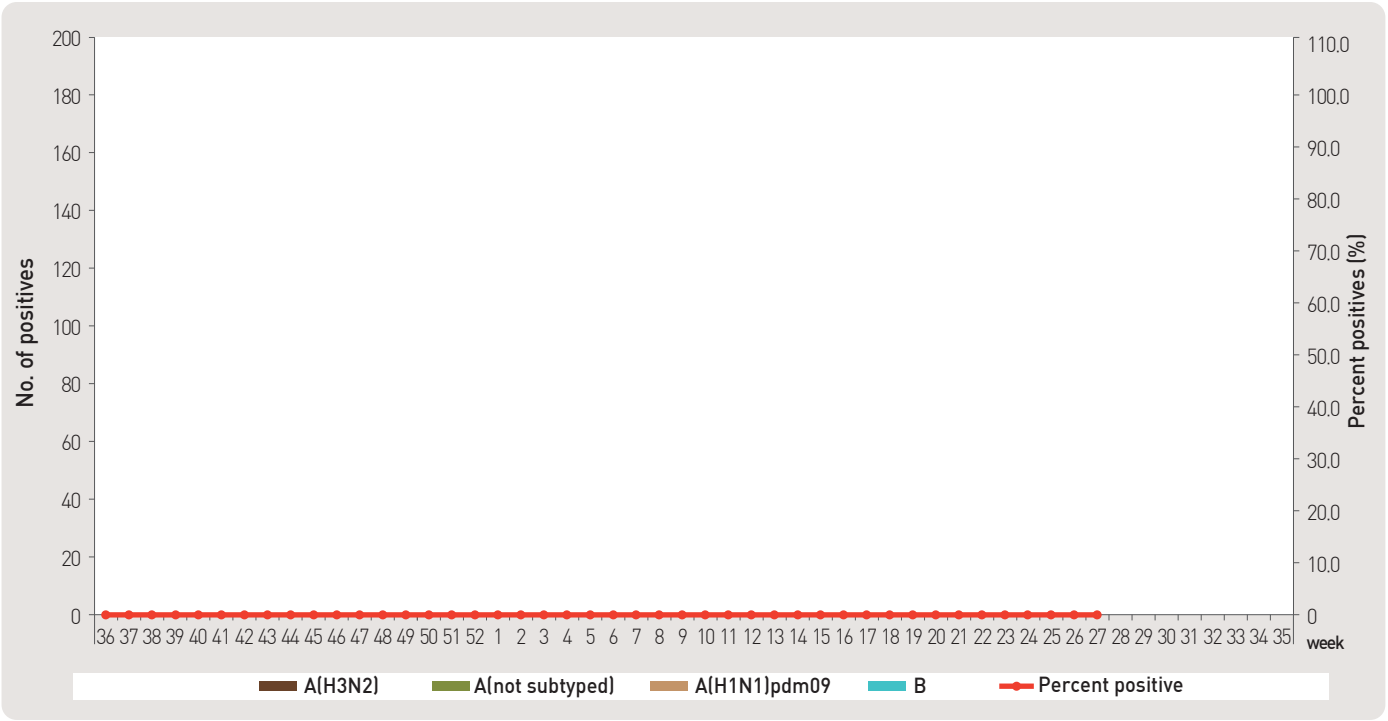


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2020–2021 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending July 3, 2021 (27th week)

2021 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
24	101	78.2	9.9	0.0	0.0	0.0	0.0	51.5	16.8	0.0
25	87	86.2	26.4	0.0	0.0	0.0	0.0	43.7	16.1	0.0
26	88	70.5	9.1	0.0	0.0	0.0	0.0	51.1	10.2	0.0
27	75	74.7	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	41.3	18.7	0.0
Cum.※	351	77.5	14.8	0.0	0.0	0.0	0.0	47.3	15.4	0.0
2020 Cum.∀	5,819	48.6	6.5	0.4	3.1	12.0	3.4	18.4	3.5	1.4

- 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 June 6, 2021 – July 3, 2021 (Average No. of detected cases is 88 last 4 weeks)

∀ 2020 Cum. : the rate of detected cases between December 29, 2019 – December 26, 2020

▣ Acute gastroenteritis-causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending June 26, 2021 (26th week)

◆ Acute gastroenteritis-causing viruses

Week		No. of sample	No. of detection (Detection rate, %)					
			Norovirus	Group A Rotavirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Sapovirus	Total
2021	23	71	14(19.7)	1(1.4)	4(5.6)	4(5.6)	0(0.0)	23(32.4)
	24	69	11(15.9)	0(0.0)	1(1.4)	6(8.7))	0(0.0)	18(26.1)
	25	62	9(14.5)	0(0.0)	3(4.8)	2(3.2)	0(0.0)	14(22.6)
	26	46	6(13.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	6(13.0)
Cum.		1,853	541(29.2)	22(1.2)	29(1.6)	90(4.9)	2(0.1)	684(36.9)

* 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
2021	23	242	4 (1.7)	12 (5.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	7 (2.9)	5 (2.1)	7 (2.9)	0 (0.0)	36 (14.9)
	24	209	8 (3.8)	16 (7.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (2.9)	8 (3.8)	10 (4.8)	7 (3.3)	55 (26.3)
	25	201	7 (3.5)	14 (7.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (2.0)	8 (4.0)	12 (6.0)	2 (1.0)	47 (23.4)
	26	121	4 (3.3)	8 (6.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (4.1)	1 (0.8)	9 (7.4)	1 (0.8)	28 (23.1)
Cum.		5,172	91 (1.8)	136 (2.6)	2 (0.04)	0 (0.0)	0 (0.0)	79 (1.5)	132 (2.6)	199 (3.8)	64 (1.2)	716 (13.8)

* 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 2021(69 hospitals)

▣ Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending June 26, 2021 (26th week)

◆ Aseptic meningitis

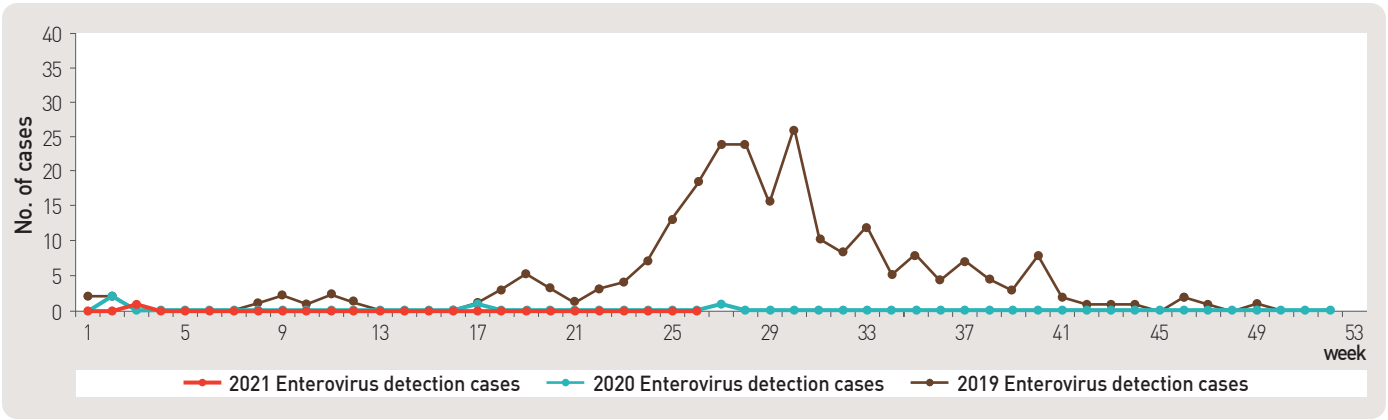


Figure 7. Detection case of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2019 to 2021

◆ HFMD and Herpangina

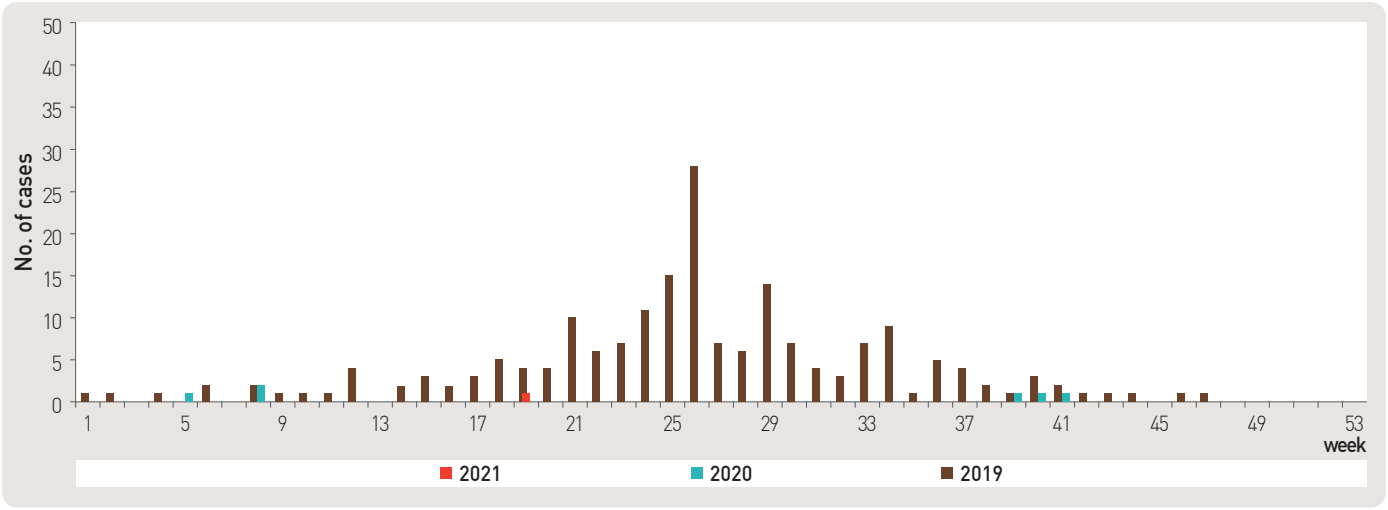


Figure 8. Detection case of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2019 to 2021

◆ HFMD with Complications

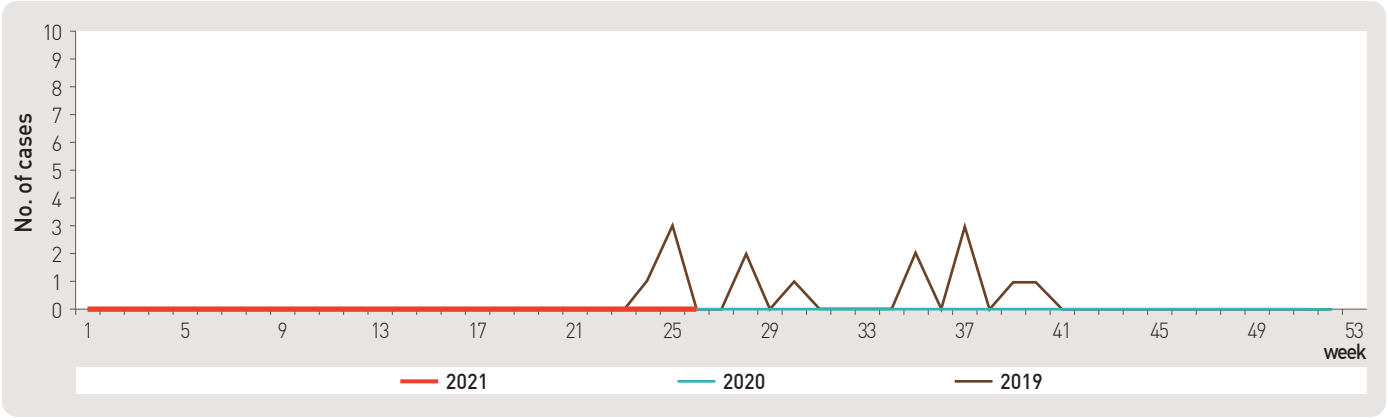
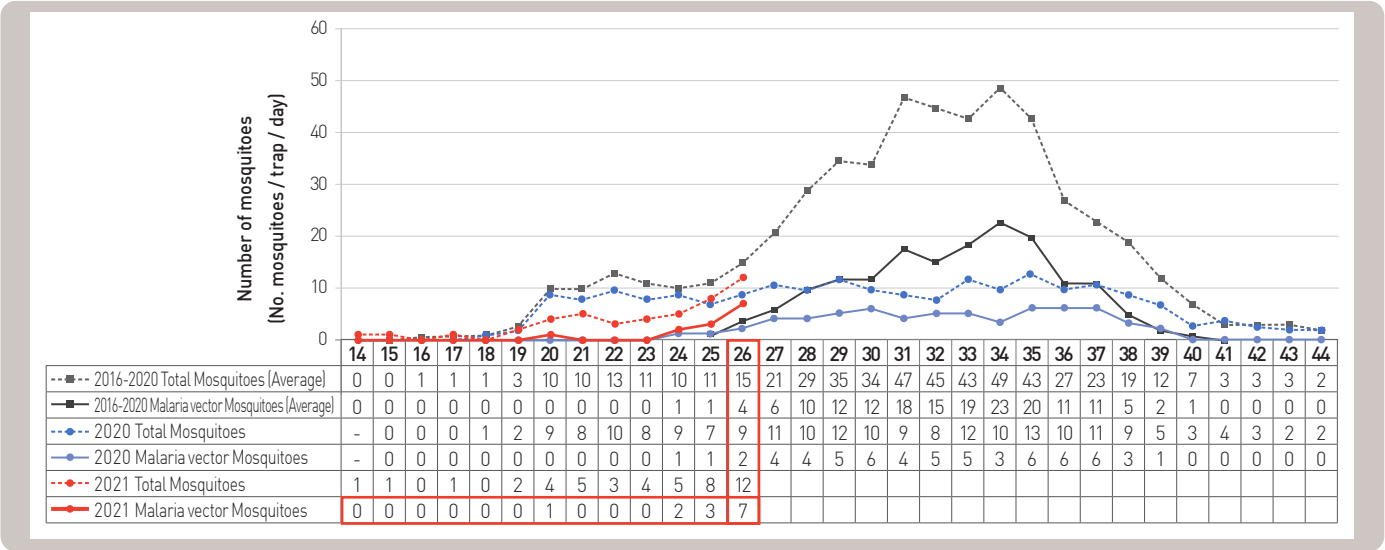


Figure 9. Detection case of enterovirus in HFMD with complications patients from 2019 to 2021

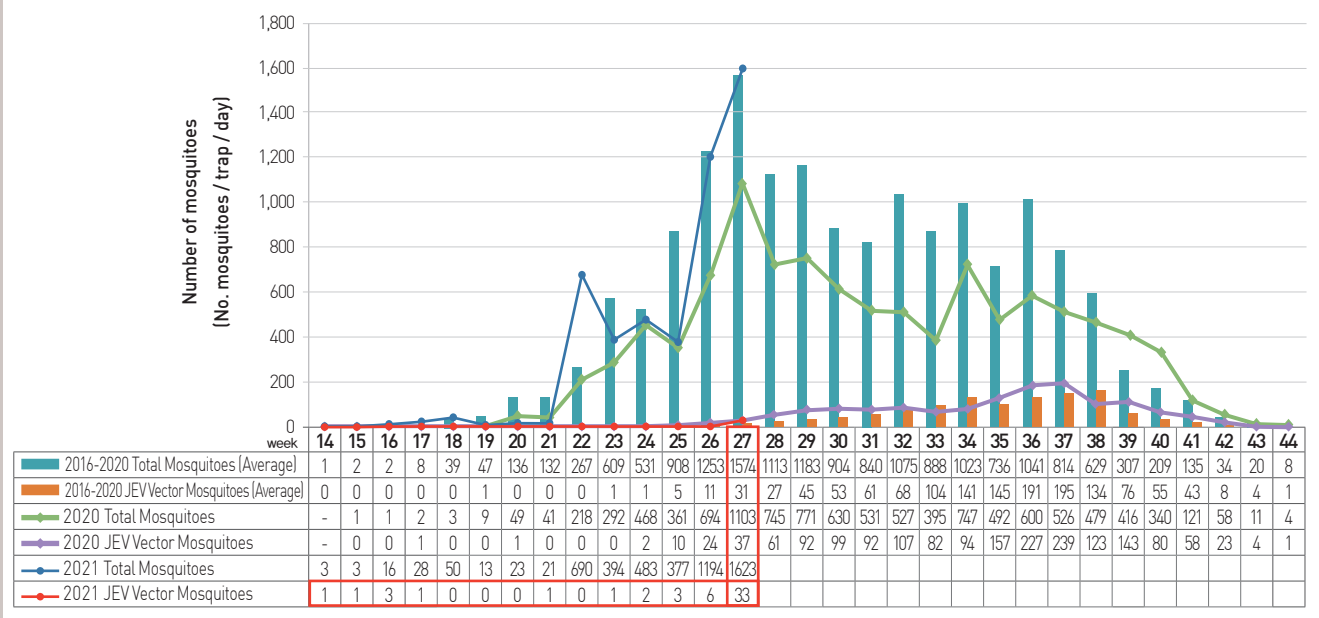
▣ Vector surveillance / malaria vector mosquitoes, Republic of Korea, week ending June 26, 2021 (26th week)



	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
2016-2020 Total Mosquitoes (Average)	0	0	1	1	1	3	10	10	13	11	10	11	15	21	29	35	34	47	45	43	49	43	27	23	19	12	7	3	3	3	2
2016-2020 Malaria vector Mosquitoes (Average)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	4	6	10	12	12	18	15	19	23	20	11	11	5	2	1	0	0	0	0
2020 Total Mosquitoes	-	0	0	0	1	2	9	8	10	8	9	7	9	11	10	12	10	9	8	12	10	13	10	11	9	5	3	4	3	2	2
2020 Malaria vector Mosquitoes	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	4	4	5	6	4	5	5	3	6	6	6	3	1	0	0	0	0	0
2021 Total Mosquitoes	1	1	0	1	0	2	4	5	3	4	5	8	12																		
2021 Malaria vector Mosquitoes	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	3	7																		

Figure 10. The weekly incidences of malaria vector mosquitoes in 2021

▣ Vector surveillance / Japanese encephalitis vector mosquitoes, Republic of Korea, week ending July 3, 2021 (27th week)



week	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
2016-2020 Total Mosquitoes (Average)	1	2	2	8	39	47	136	132	267	609	531	908	1253	1574	1113	1183	904	840	1075	888	1023	736	1041	814	629	307	209	135	34	20	8
2016-2020 JEV Vector Mosquitoes (Average)	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	5	11	31	27	45	53	61	68	104	141	145	191	195	134	76	55	43	8	4	1
2020 Total Mosquitoes	-	1	1	2	3	9	49	41	218	292	468	361	694	1103	745	771	630	531	527	395	747	492	600	526	479	416	340	121	58	11	4
2020 JEV Vector Mosquitoes	-	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	10	24	37	61	92	99	92	107	82	94	157	227	239	123	143	80	58	23	4	1
2021 Total Mosquitoes	3	3	16	28	50	13	23	21	690	394	483	377	1194	1623																	
2021 JEV Vector Mosquitoes	1	1	3	1	0	0	0	1	0	1	2	3	6	33																	

Figure 11. The weekly incidences of Japanese encephalitis vector mosquitoes in 2021

About PHWR Disease Surveillance Statistics

The Public Health Weekly Report (PHWR) Disease Surveillance Statistics is prepared by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 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 Disease Control and Prevention Agency. 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 KDCA at the central level via corresponding jurisdictions(health centers, and health departments) during that week and accepted/approved by surveillance staff.
- Cum. 2021 – 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
2021			Current week		
2020	X1	X2	X3	X4	X5
2019	X6	X7	X8	X9	X10
2018	X11	X12	X13	X14	X15
2017	X16	X17	X18	X19	X20
2016	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. 2021 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 Climate Change and Health Protection Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)
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 : 2021년 7월 8일
발 행 인 : 정은경
편 집 인 : 조은희
편집위원 : 박혜경, 이동한, 이상원, 이연경, 심은혜, 오경원, 김성수, 유효순
편집실무위원 : 김은진, 김은경, 주재신, 이지아, 김성순, 권동혁, 박숙경, 박현정, 전정훈, 임도상, 권상희, 신지연, 박신영, 정지원, 이승희, 윤여란, 김청식, 안은숙
편 집 : 질병관리청 건강위해대응관 미래질병대비과

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