pISSN 2005-811X
eISSN 2586-0860

www.kdca.go.kr

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol.15, No. 8, 2022

CONTENTS

COVID-19 Special Report

0488 Epidemiological characteristics of COVID-19 reinfection cases in the Republic of Korea

코로나19 이슈

0495 오미크론에 감염된 백신접종자와 미접종자의 중화항체 분석

역학 · 관리보고서

0497 2022년 1월 국내 코로나19 변이 바이러스 발생 현황 및 특성

0511 국내 바이러스성 뇌염 유발 병원체 조사

만성질환 통계

0518 우울장애유병률 추이, 2014~2020

감염병 통계

0520 환자감시 : 전수감시, 표본감시
병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스

질병관리청

COVID-19 Special Report

Epidemiological characteristics of COVID-19 reinfection cases in the Republic of Korea

Seong Jin Wang, Jin Soo Lim, Sang Eun Lee, Young Joon Park
Epidemic Investigation Team, Epidemiological Investigation and Anlysis Task Force, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)
Jungyeon Kim, Jin Gwack
Case and Guideline Management Team, Infection Prevention Support Team, KDCA

Abstract

This case-control study monitored the epidemiological characteristics of reinfection cases since the beginning of the Coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in the Republic of Korea. By November 30, 2021, 142 COVID-19 suspected reinfection cases were reported. Findings indicated that the reinfection was an uncommon event (0.031%). The average age of reinfected patients was 37.1 years, and the mean time from primary to reinfection was 120 days. This study found that 66.7% of the reinfection cases were asymptomatic and that they occured more frequently in metropolitan areas (Seoul) (75.3%). Critical illness happened in 2.1% of the total reinfection cases.

The reinfection outbreak during the Delta dominant period (Group 1) was six times greater than the Alpha and Beta dominant period (Group 2) (P<0.001), accounting for the high transmissibility of the Delta variant. No statistical differences in age group, sex, and symptoms were observed between the two groups (P=0.2698, P=0.5565, P=0.7574, respectively). Upon the Kaplan-Meier survival curve, the overall median survival time was 104 days (95% CI=96-114 days). The median survival time for each group was 120 days and 102 days, respectively.

Among the 156,961 confirmed cases infected with SARS-CoV-2 from January 2020 to June 2021, the vaccination status of those reinfected during July-November 2021 was compared with that of residents who were not reinfected. The full and partial vaccinated groups were associated with 0.34 times the odds of reinfection compared with the unvaccinated group. These findings suggested that at least partial vaccination should be provided for all eligible persons, to reduce the risk of future infection.

As of December 2021, there were growing concerns about COVID-19 reinfections due to the COVID-19 variant of concern Omicron outbreak. Thus, continuous monitoring and risk assessment studies are necessary to prevent ongoing COVID-19 reinfection cases.

Keywords: Coronavirus disease 2019 (COVID-19), Reinfection, Risk, Vaccine

Introduction

On November 30, 2021, the cumulative number of confirmed cases of coronavirus disease (COVID-19) worldwide exceeded 260 million, and the cumulative number of confirmed cases in the Republic of Korea (ROK) was reported to be 447,000 [1]. As the prolonged COVID-19 pandemic continued, the first case of reinfection was reported in August 2020. Since then, cases of reinfection have been reported worldwide, though rare [2]. The risk assessment for reinfection is currently ongoing worldwide, and the incidence rate of reinfections is reportedly 0.02-1.0% [3]. In the ROK, the first case of reinfection was reported in 2020, and cases of reinfection have been reported every month since April 2021.

In this regard, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) developed the criteria for the classification of reinfection cases (criteria for the classification of presumptive reinfection cases), referring to the criteria for investigating suspected reinfections by the Centers for Disease Control and Prevention (CDC) in the United States, and local governments are currently classifying reinfection cases according to the new criteria. This article aimed to analyze the characteristics of COVID-19 cases of reinfection in the ROK, evaluate the risk assessment of reinfection according to vaccination history during the period when the Delta variant had been the dominant strain since July 2021, and establish response strategies for the management of reinfection cases based on continuous monitoring in the future.

Methods

1. Subjects and analysis

In this article, the analysis was performed largely in three ways. First, analysis of the current status of COVID-19 cases of reinfection in the ROK was performed for 142 patients with COVID-19 confirmed using real-time polymerase chain reaction (RT-PCR) during 2020 to November 30, 2021, according to sex, age, region, and transmission route; the cases were classified according to the criteria for classification of reinfection cases and were registered as presumptive reinfection cases (reinfection cases) with the COVID-19 reporting and surveillance system.

<The criteria for classification of reinfection cases>

- Persons with a positive PCR test result 90 days after initial infection, with or without symptoms
- Persons with a positive PCR test result 45-89 days after the initial infection and have symptoms or exposure to a confirmed case (or history of overseas travel)

Second, the characteristics of the cases of reinfection before and after the Delta variant became the dominant strain in the ROK (after July 2021) were compared. The chi-square test was used to analyze the difference in symptoms of reinfection between the groups according to sex and age. In addition, Kaplan-Meier survival analysis was performed to compare the median time from initial infection to reinfection.

Finally, a case-control comparative analysis was performed to assess the risk of reinfection according to the vaccination history during the period when the Delta variant became the dominant strain. Of the 156,961 cases confirmed using the RT-PCR test during 2020 to June 30, 2021, 75 were assigned to the case group. The selected cases were classified according to the criteria for the classification of reinfection and registered with COVID-19 information management system from July 1 to November 30, 2021. The control group was randomly selected at a ratio of 1:4 in consideration of the cases' sex and age (approximately 3 years difference) and the initial date of infection (within 7 days) using a statistical program. The odds ratios of the group receiving primary/secondary vaccination were calculated in comparison to those of the unvaccinated group.

Results

1. Current status of reinfection cases in the ROK

Since the first COVID-19 case of reinfection in the ROK reported in April 2020, the cumulative number of reinfection cases until November 30, 2021, was 142, accounting for 0.031% of the total number of confirmed COVID-19 cases (n=447,230). The mean age of patients reinfected with COVID-19 was 37.1 years (SD 21.9 years). Per sex, the proportion of male (51.4%) was higher than that of female (48.6%). Per region, the number

of cases of reinfection was high in the order of metropolitan areas (75.3%), Chungcheong area (10.6%), Honam area (4.9%), Gyeongnam area (4.9%), and Gyeongbuk area (4.3%). Per the main transmission routes, approximately 10% were imported cases. Among patients reinfected with COVID-19, three critically ill patients received mechanical ventilation, high-flow oxygen therapy, extracorporeal membrane oxygenation, and/or continuous renal replacement therapy, and two deaths were reported. These two patients were unvaccinated at the time of reinfection (aged over 60 years) and had underlying diseases. Furthermore, on reinfection, the proportion of asymptomatic cases (n=100; 70.4%) was higher than that of symptomatic cases (n=42; 29.6%) (Table 1).

2. Comparison of characteristics of reinfection cases before and after the Delta variant became the dominant strain

Table 3 shows the demographical and epidemiological characteristics of the cases of reinfection during the period when the Delta variant became the dominant strain. Before and after the Delta variant became the dominant variant, there were 20 (14.1%) and 122 (85.9%) reinfection cases, respectively. The number of cases of reinfection increased approximately six times after July 2021 or the period of dominance of the Delta variant, and there was a significant difference between the two groups ($p<0.001$). The average period from initial infection to reinfection

Table 1. Characteristics of COVID-19 reinfection cases (Jan. 20, 2020–Nov. 30, 2021)

Characteristics and state	Total	2020	2021							
		Apr.	Feb.	Apr.	May	June	July	Aug.	Sep.	Oct.	Nov.
Total no. of patients	142	1	1	1	7	10	20	33	26	11	32
Sex (n, %)											
Male	73 (51.4)		1		6	5	11	18	10	7	15
Female	69 (41.6)	1		1	1	5	9	15	16	4	17
Age (SD)	37.1 (21.9)	21	42	25	37.7 (21.5)	33.4 (15.4)	34.5 (16.5)	35.5 (16.7)	29.9 (19.3)	29.9 (25.3)	50.8 (28)
Region											
Capital	107	1			5	7	11	24	20	9	30
Chung-cheong	15					1	2	5	5	1	1
Honam	7					1	1	3		1	1
Kyungbuk	6		1	1	2	1	1				
Kyungnam	7						5	1	1		
Cumulative Incidence rate[a]	0.031	0.009	0.002	0.002	0.007	0.012	0.02	0.029	0.031	0.030	0.031
Symptoms											
Symptomatic	42	1	1		2	3	4	13	7	6	5
Asymptomatic	100			1	5	7	16	20	19	5	27
No. of critical medical conditions	3				1			1			1
Death	2				1						1

[a] cases per 100,000 persons

was 120 days, and before and after the period of dominance of the Delta variant, it was 129 and 119 days, respectively, indicating that the average period from initial infection to reinfection before the period of dominance of the Delta variant was longer than that after the period of dominance of the Delta variant. There were no significant differences between the two groups according to sex, age, nationality, and the presence or absence of symptoms of reinfection. The results of the survival analysis in terms of the length from the initial infection date to the date of reinfection are shown in Figure 1. The median survival time was 104 days (95% confidence interval (CI), 96-114 days), and before and after the Delta variant became the dominant strain, it was 120 days (95% CI, 95-162 days) and 102 days (95% CI, 96-113 days), respectively.

Table 2. COVID-19 reinfection cases characterized by critical illness

Region	Sex	Age	Underlying diseases	Vaccination status	Symptom at reinfection	Severity	Time to reinfection (days)
Gyeonggi	M	64	Severely handicapped person, Hypertension, Chronic renal failure	Unvaccinated	Cough, Sputum	Critical illness (Death)	149
Gyeonggi	M	30	HIV	Unvaccinated	Fever, Dyspnoea	Critical illness	105
Seoul	M	85	Dimentia, Cerebral infarction, Bedridden patient	Unvaccinated	Asymptomatic	Critical illness (Death)	30

Table 3. Characteristics of reinfection cases before/after the dominant period of the Delta variant of SARS-COV2 in the Republic of Korea

State	Period (n, %)		p-value
	Jan. 2020-June 2021	July 2021-Nov. 2021	
Total confirmed cases	156,961	290,269	p<0.001
Reinfection cases	20	122	
Sex			p=0.5565
Female	8 (40.0)	61 (50.0)	
Male	12 (60.0)	61 (50.0)	
Age (%)			p=0.2698
0-18	3 (15.0)	31 (25.4)	
19-59	14(70.0)	66 (54.1)	
≥60	3 (15.0)	36 (20.6)	
Critical medical condition			
No of cases	1	2	
Symptom awareness at reinfection			p=0.7574
Symptomatic	7 (35.0)	35 (28.7)	
Asymptomatic	13 (65.0)	87 (71.3)	
Time to reinfection (Days)	129	119	
Median (95% CI)	120 (95-162)	102 (96-113)	

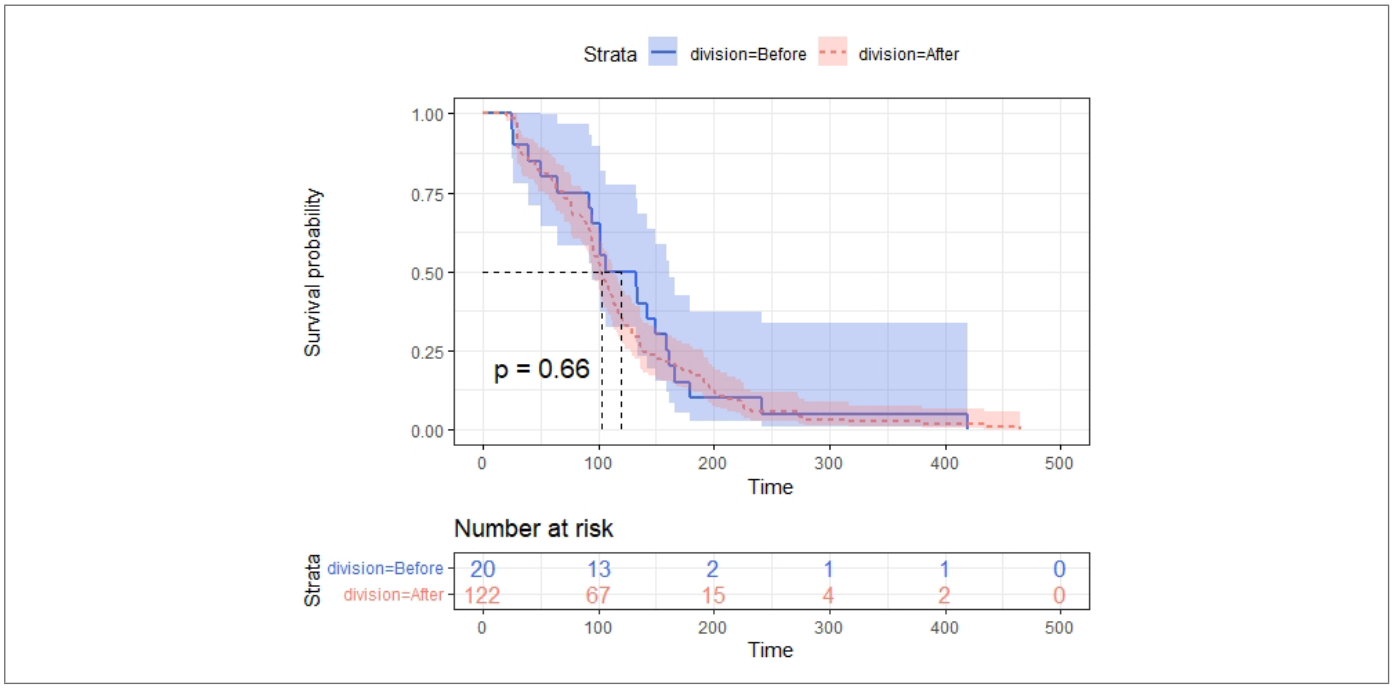


Figure 1. Kaplan–Meier survival curve for COVID–19 reinfection before/after the dominant period of the Delta variant of SARS–COV2 in the Republic of Korea

3. Comparison of the risk of reinfection according to COVID-19 vaccination history

For comparison, 75 cases were selected from confirmed cases from 2020 to June 30, 2021, and 300 controls were randomly selected from the remaining confirmed cases according to age, sex, and initial infection date of the cases. A contingency table was prepared according to the vaccination history and the presence or absence of reinfection with COVID-19, and the odds ratios were calculated. The risk of reinfection with COVID-19 was 0.34 times significantly lower in the group receiving primary and secondary vaccinations than in the unvaccinated group (Table 4).

Conclusion

In July 2021, KDCA established the criteria for classifying reinfection cases by referring to the criteria for investigating suspected reinfections by CDC in the United States, and for continuously monitoring the status of reinfections. Cases of

Table 4. Association of SARS–CoV–2 reinfection with COVID–19 vaccination status, in the Republic of Korea, July–Nov., 2021

Vaccination status	No. (%)		OR (95% CI)
	Case-patients (n=75)	Control participants (n=300)	
Unvaccinated	64 (85.3)	208 (69.3)	Ref
Partially/Fully vaccinated	11 (14.7)	92 (30.7)	0.34 (0.16–0.72)
Total	75 (100)	300 (100)	-

Case patients were considered partially vaccinated if 1≤ dose of vaccine was received, but the vaccination series was either not completed or the final dose was received <14 days before their reinfection date. For control participants, the same criteria were applied, using the matched case–patient's reinfection date. Case–patients and control participants were considered fully vaccinated if a complete COVID–19 vaccine series was received over 14 days before the case patient's reinfection date. OR was adjusted for age and sex.

reinfection reported so far in the ROK are very rare, accounting for approximately 0.03% of all confirmed cases as of November 2021. This incidence rate of reinfection in the ROK is lower than that in most other countries. Furthermore, the average period between initial infection and reinfection is approximately 120 days, and asymptomatic cases account for more than two-thirds of the cases. Considering the cumulative incidence rate of reinfection, it increased by 2.0-2.5 times after July 2021 compared with that before June 2021, and the proportion of reinfection cases in the metropolitan areas (75.3%) was high. Therefore, proactive prevention and management of reinfection in Seoul, Gyeonggi, Incheon, and Gangwon are needed.

The number of cases of reinfection during July–November 2021, when the Delta variant of COVID-19 became the dominant strain in the ROK, was significantly higher than that before, probably because the cumulative number of confirmed cases increased as the pandemic continued and owing to the characteristics of the Delta variant, which is about twice as contagious as the previous variants. In addition, after a case of reinfection is preliminarily determined, reinfection is confirmed by identifying different virus strains via whole-genome sequencing of the first confirmed and redetected samples. However, there are some difficulties in determining reinfection for several reasons: First, if the Ct value of the respective sample is high (≥28), it is difficult to amplify the virus, and therefore, whole-genome sequencing cannot be performed. Second, with recently increasing confirmed cases, the first confirmed samples are increasingly discarded owing to lack of frozen sample storage places in medical laboratories, making it impossible to compare the two samples. As the COVID-19 pandemic continues, it is necessary to establish criteria to determine reinfection cases more systematically.

In June 2021, the British government argued that COVID-19 reinfection is very rare and that the criteria for determining cases of reinfection should be increased from 90 days after initial infection to 120 days after initial infection, which was effective from October 6, 2021 [4]. This is because continuous and intermittent viral shedding has been reported even after 90 days of the initial infection. Since shedding dead virus after 90 days has been reported in the UK and other countries, it is necessary to review a modification of the criteria for the classification of reinfections by assessing the risk of reinfection in the ROK and other countries. On studying reinfection transmission routes, it was found that the proportion of unknown routes (31.7%) was significantly high. This figure includes cases with a positive PCR result after 90 days without a history of contact with a previously confirmed case or related symptoms. Therefore, it is believed that the actual number of cases of COVID-19 reinfection in the ROK may be smaller, except for cases of shedding dead virus after 90 days.

Using the reinfection cases reported from July 2021 to November 2021 among confirmed cases from 2020 to June 2021 as a case group, the risk of COVID-19 reinfection was assessed according to vaccination history. The risk of reinfection was approximately 0.34 times (95% confidence interval, 0.16-0.72) lower in the group receiving the primary and secondary COVID-19 vaccinations than in the unvaccinated group. Therefore, it is considered that all people eligible for COVID-19 vaccination, including those reinfected with COVID-19, must complete at least the primary vaccination to reduce the risk of reinfection in the future. Disease control authorities should actively recommend vaccination to reduce the risk of reinfection. Furthermore, from July 1 to November 30, 2021, when this analysis was performed, those under 18 years of age (i.e., infants, children, and adolescents) were not fully vaccinated, and thus, the proportion of unvaccinated persons tended to relatively increase. Therefore, it is necessary to collect more cases of reinfection in the future and analyze the risk of reinfection according to the vaccination history. Reportedly, there is a high possibility

of reinfection with the Omicron variant recently detected in the ROK. Considering the situation in which the possibility of reinfection increases owing to the prolonged pandemic, it is necessary to continue the assessment of the risk of reinfection for effective control of and response against COVID-19.

① What was previously known?

Reinfection with COVID-19 is rare worldwide, and the symptoms of reinfection are milder than those of the initial infection. The current status of and risk factors for COVID-19 reinfection in the ROK have not been revealed.

② What is newly learned?

Analysis of 142 reinfection cases reported during 2020 to November 2021 revealed that the incidence rate of reinfection in the ROK was 0.031% and the rate of critical cases was 2.1%. The incidence rate of reinfection in the ROK is lower than that in other countries. Furthermore, the average time from initial infection to reinfection was 120 days. After the Delta variant of COVID-19 became the dominant strain (since July 2021), more cases of reinfection were reported than that before. The risk of reinfection was approximately 0.34 times lower in the group that received primary and secondary vaccinations than in the unvaccinated group.

③ What are the implications?

The possibility of reinfection increases owing to the prolonged COVID-19 pandemic and the influx of the Omicron variant into the ROK; therefore, it is necessary to continuously analyze the risk of reinfection and monitor its occurrence in the ROK. To reduce the risk of COVID-19, those eligible for COVID-19 vaccination, including those reinfected with COVID-19, should complete at least the primary vaccination. The disease control authorities should actively recommend vaccination.

In other countries, including the UK, changes to the criteria for classifying COVID-19 reinfections are being reviewed, and it is necessary to supplement the criteria for the classification of reinfection cases in the ROK through continuous analysis of reinfection status and risk assessment.

Conflict of Interest

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

Correspondence to: Young Joon Park

Epidemic Investigation Team, Epidemiological Investigation and Anlysis Task Force, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

pahmun@korea.kr, 043-719-7950

Submitted: January 11, 2022; **Revised:** January 17, 2022; **Accepted:** January 21, 2022

References

1. WHO COVID-19 dashboard, [Cited 2021. 12. 16], https://covid19.who.int
2. Lawandi A, Warner S, Sun J, et al. Suspected SARS-CoV-2 Reinfections: Incidence, Predictors, and Healthcare Use among Patients at 238 U.S. Healthcare Facilities, June 1, 2020-February 28, 2021 [Published online ahead of print, 2021 Aug 5]. Clin Infect Dis. 2021;ciab671. doi:10.1093/cid/ciab671
3. Tang, Xiujuan et al. “Reinfection or Reactivation of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2: A Systematic Review.” Frontiers in public health 2021;9:663045. 11 Jun. 2021, doi:10.3389/fpubh.2021.663045
4. Coronavirus(COVID-19) Infection survey technical article: analysis of reinfections of COVID-19. Office for national statistics June 2021, https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/articles/coronaviruscovid19infectionsurveytechnicalarticleanalysisofreinfectionsofcovid19/june2021

This article has been translated from the Public Health Weekly Report (PHWR) Volume 15, Number 4, 2022.

코로나19 이슈

오미크론에 감염된 백신접종자와 미접종자의 중화항체 분석

질병관리청 중앙방역대책본부 진단분석단 검사분석팀 **이은주, 오상원, 최용준, 김희만, 오새진, 이지은, 김은진***

*교신저자: ekim@korea.kr, 043-719-8140

2021년 11월 남아프리카공화국에서 최초로 확인된 오미크론 변이 바이러스는 스파이크(Spike) 유전자 다수의 변이에 따른 면역회피 가능성, 빠른 전파속도 등을 고려하여 세계보건기구(World Health Organization, WHO)에 의해 주요 변이 바이러스(Variants of Concern, VOC)로 분류되었다[1,2]. 오미크론은 현재까지 BA.1, BA.1.1, BA.2 및 BA.3의 4개의 하위 계통으로 분류되어 있으며 전 세계로 확산되고 있다. 우리나라에서도 2021년 12월 1일 해외유입 사례이후 국내 집단감염으로 빠르게 확산되어 질병관리청 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 유전자 감시결과 현재(2022년 2월 1주 기준) 93.2%의 높은 검출률을 보이고 있다.

오미크론은 스파이크 단백질에 32개의 아미노산 변이가 확인되고, 전파력 증가와 면역회피에 따른 백신 효능저하에 대한 우려가 제기되고 있다[3-5]. 이에 질병관리청은 오미크론에 감염된 백신 접종자와 미접종자의 급성기와 회복기 혈청을 이용하여 백신접종 여부에 따른 오미크론에 대한 중화능과 이전 우점종이었던 델타에 대한 교차중화능 정도를 분석하였다.

오미크론에 감염된 확진자 9명의 감염 초기와 회복기 혈청으로 플라크감소중화시험법(Plaque Reduction Neutralizing Test, $PRNT_{50}$)[1]을 수행하여 중화항체 역가를 측정하였다. 이들 9명은 백신 접종자 4명(모더나 2회 접종 2명, 모더나 1회 접종 1명, 화이자 1회 접종 1명)과 미접종자 5명으로 구성되었다.

분석결과, 기본접종[2] 확진자에서는 감염 초기부터 오미크론에 대한 중화항체가 검출되었으나, 미접종 확진자와 불완전접종 확진자에서는 중화항체가 검출되지 않았다(그림 1). 오미크론에 대한 회복기 중화항체가는 기본접종 확진자의 중화항체가 미접종 확진자 대비 약 5배 높게 나타났다(오미크론형 GMT[3]: 미접종자 94, 기본접종자 491).

델타 변이에 대한 교차중화능 분석결과 기본접종 확진자가 감염 초기부터 델타 변이에 대한 높은 항체가를 보유하였고, 회복기에는 미접종자 대비 약 147배 높은 중화항체가를 보유하였다(델타형 GMT: 미접종자13, 기본접종자 1915). 또한, 미접종 오미크론 확진자에서 델타에 대한 교차중화능이 현저히 감소한 반면, 기본접종 확진자는 교차중화능을 보유하였다.

본 분석을 통해 백신접종으로 생성된 면역은 감염 초기에 높은 중화항체를 빠르게 형성하며 델타에 대한 강력한 교차중화항체를 생성하지만, 백신 미접종 시에는 오미크론에 감염되더라도 델타에 대한 낮은 중화능을 보여 델타에 의한 재감염이 가능함을 추정할 수 있다.

이번 분석은 백신에 의한 면역학적 효과를 살펴볼 수 있었지만, 대상군 수가 적어 오미크론 변이 감염에 따른 백신 접종자와 미접종자간의 통계적 해석에 대한 한계점이 있으므로 향후 추가 돌파감염 사례에 대한 분석을 통하여 돌파감염 원인을 분석하고 대책 마련을 위한 과학적인 근거를 제공하고자 한다.

1) 바이러스와 혈청 혼합액을 세포에 접종 후 플라크 개수를 산출하여 혈청 내 중화항체를 측정하는 검사법
2) 코로나19 백신의 권고된 접종 횟수에 따라 예방접종 완료 후 2주 경과한 경우
3) GMT(Geometric Mean Titer): 항체역가 기하평균, 10 이상 양성

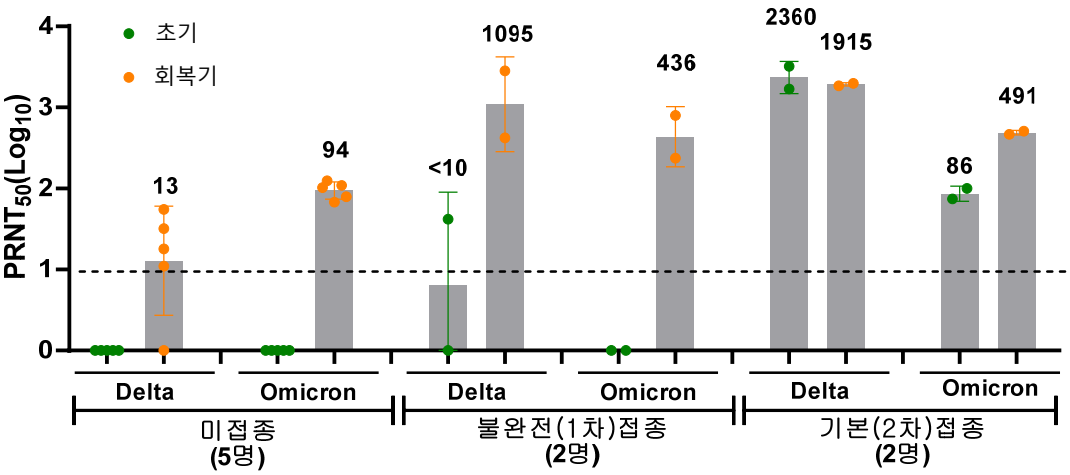


그림 1. 오미크론 확진자의 백신접종 여부에 따른 중화항체 역가

참고문헌

1. WHO, Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern (26 November, 2021)
2. WHO, Tracking SARS-CoV-2 variants (26 November, 2021)
3. Cele S, Jackson L, Khan K, Khoury DS, Moyo-Gwete T, Tegally H, et al. SARS-CoV-2 Omicron has extensive but incomplete escape of Pfizer BNT162b2 elicited neutralization and requires ACE2 for infection. medRxiv. 2021 Dec 11.
4. Lu L, Mok BW, Chen LL, Chan JM, Tsang OT, Lam BH, et al. Neutralization of SARS-CoV-2 Omicron variant by sera from BNT162b2 or Coronavac vaccine recipients. Clin Infect Dis. 2021 Dec 16.
5. Kibler KV, Szczerba M, Lake D, Roeder AJ, Rahman M, Hogue BG, et al. Intranasal immunization with a vaccinia virus vaccine vector expressing pre-fusion stabilized SARS-CoV-2 spike fully protected mice against lethal challenge with the heavily mutated mouse-adapted SARS2-N501Y MA30 strain of SARS-CoV-2. bioRxiv. 2021 Dec 8.

역학 · 관리보고서

2022년 1월 국내 코로나19 변이 바이러스 발생 현황 및 특성

중앙방역대책본부 진단분석단 검사분석팀 **김일환, 박애경, 이혁진, 김희만, 김준영, 김정아, 노진선, 이채영, 이지은, 김은진***

*교신저자 : ekim@korea.kr, 043-719-8140

초 록

2019년 12월 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19)가 전 세계적으로 확산되며 알파, 베타, 감마, 델타, 오미크론 등 변이 바이러스가 지속적으로 출현하고 있다. 인도에서 유래한 델타 변이 바이러스가 4월부터 각 국가 간 급속하게 전파되며 우세종이 된 이후, 12월부터 감소하였고, 11월에 남아공에서 보고된 오미크론이 현재 우세종이 되어 전 세계에서 유행하고 있다.

질병관리청은 코로나19 바이러스의 감염원 추적·분석 및 유전자 변이 확인을 위해 유전자 감시(genomic surveillance)를 수행하고 있다. 국내감염 및 해외유입 관련 확진자의 양성검체를 대상으로 유전체분석 및 변이 PCR 분석 등을 실시한 결과, 2020년 1월부터 2022년 2월 5일까지 총 118,450건의 주요 변이 바이러스(델타 92,271건, 오미크론 22,703건, 알파 3,296건, 베타 153건, 감마 27건)를 확인하였다. 해외유입 사례의 경우 2021년 4월 델타가 국내에서 처음 확인된 후 5월 39.3%, 6월 76.2%의 검출률을 보이며 델타가 대부분 확인되었으나, 12월 오미크론 검출률이 52.8%를 보이며 추세가 바뀌었고, 2022년 1월 오미크론의 검출률은 96.4%를 나타내었다. 국내감염 사례의 경우, 델타 변이가 2021년 7월 59.6%의 검출률을 나타내어 우세종이 되었으나, 2022년 1월 오미크론 검출률이 63.9%를 나타내어 국내 우세종이 오미크론으로 바뀌었다. 전장유전체분석을 통한 변이 바이러스 세부계통 분석 결과, 1월 국내감염 사례에서 확인되는 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 53.2%, BA.1 7.1%, BA.2 1.4%로 확인되었다.

질병관리청은 변이 바이러스를 신속하게 검출하고 분석함으로써 코로나19 확산 방지를 위한 근거자료를 제공하고 있고, 신규 변이 바이러스 출현에 대응하기 위해 지속적인 감시를 수행하고 있다.

주요 검색어 : 코로나바이러스감염증-19(코로나19), 유전자 감시(SARS-CoV-2), 전장유전체 분석, 변이 바이러스

들어가는 말

2019년 12월 중국 후베이성 우한시에서 처음 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19)가 세계적으로 대유행하며, 원인 병원체인 코로나19 바이러스(Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, SARS-CoV-2)의 변이 바이러스가 지속적으로 출현하고 있다. 바이러스 유전자 변화에서 비롯되는 변이는 바이러스 특성에 거의 영향을 미치지 않으나, 일부 변이는 전파력, 병원성, 백신 및 치료제 효과 등에 영향을 미치기도 한다.

2020년 9월 20일 영국에서 알파 변이 바이러스 감염이 보고된 후[1], 남아프리카공화국 유래의 베타형, 브라질 유래의 감마형 등 세계적으로 다양한 변이 바이러스가 발생하며 전파가 확대되었고, 2021년 4월부터는 인도 유래의 델타 변이 바이러스가 전 세계적으로 확산되며 전 세계적인 우세종이 되었다. 그 후 2021년 11월 24일 남아프리카공화국에서 세계보건기구(World Health Organization, WHO)에 처음 보고한 오미크론 변이 바이러스가 11월 26일 WHO 바이러스진화 기술자문그룹(Technical Advisory Group on Virus Evolution, TAG-VE)의 긴급회의를 통해 주요 변이 바이러스(Variants of Concern, VOC)로 분류되었고[2,3], 오미크론은 빠른 속도로

전파되며 델타를 대신하여 전 세계의 우세종이 되었다.

질병관리청은 국내외에서 확산되고 있는 변이 바이러스를 감시하고 대응하기 위해 WHO의 변이 바이러스 분류 체계를 반영하여 변이 바이러스를 적극적으로 모니터링하고 있다. WHO는 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(Variant of Interest, VOI)로 변이 바이러스를 분류(2021. 2. 25.)하였고[4], 지역유래 명칭의 사용 방지 및 원활한 소통을 위해 그리스 알파벳(알파, 베타, 감마 등)으로 변이 바이러스를 명명하고 있다(2021. 5. 31.)[5].

변이 바이러스는 유전자 분석을 통해 확인이 가능하여, Global Initiative on Sharing All Influenza (GISAID) 데이터베이스 및 PANGO Lineages site 등을 통해 코로나19 변이 바이러스와 관련한 다양한 유전적 정보가 전 세계적으로 공유되고 있다[6,7]. 질병관리청은 코로나19 변이 바이러스에 대한 신속한 파악 및 대응을 위해 국내외 상황을 면밀하게 모니터링하고, 전장유전체분석 등 유전자 감시를 통해 확인한 국내 변이 정보를 질병관리청 홈페이지에 매주 업데이트하여 게시하고 있으며, 확보한 바이러스의 염기서열 정보는 GISAID를 통해 국제적으로 공유하고 있다.

이 글에서는 현재까지 국내에서 발생한 변이 바이러스 감시 결과를 기술하여 국내의 변이 바이러스 유행 현황을 파악하고, 환자 관리 및 확산 방지를 위한 근거 기반 대응 전략에 활용가능한 정보를 제공하고자 한다.

몸 말

1. 분석 대상

질병관리청은 2020년 1월 20일 국내 첫 코로나19 확진자가 발생했을 때부터 바이러스 감염원을 추적·분석하고, 진단에 영향을 미치거나 전파력 및 병원성 등에 변화를 초래하는 유전자 변이를 확인하기 위해 유전자 감시(genomic surveillance)를 지속적으로 수행하고 있다. 해외유입 사례의 경우는 변이 바이러스 유입 위험도에 따라서 우선순위 대상 국가를 지정하여 분석하고, 국내감염 사례의 경우는 개별사례 또는 신규 집단사례를 대상으로 무작위 표본추출(단순임의추출)을 통해 일일확진자의 약 20%를 분석하고 있다.

특히 해외로부터 변이 바이러스의 유입 및 국내 확산에 대응하기 위해 WHO에서 제공하는 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(VOI) 정보를 참고하여 국내에서도 해당 변이 바이러스에 대한 감시와 분석을 강화하여 실시하고 있다.

2. 주요 변이 바이러스(VOC) 및 기타 변이 바이러스(VOI)

2021년 2월 25일 WHO는 변이 바이러스에 대한 공중보건학적인 조치를 권장하기 위해 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(VOI)를 분류하였다. 주요 변이 바이러스(VOC)는 전파력, 병원성, 백신 유효성 등에 부정적 변화가 확인되어 공중보건학적인 조치가 필요한 유형이고, 기타 변이 바이러스(VOI)는 표준주와 다른 아미노산 변이를 보유하고 지역사회 전파 또는 다수 국가 검출이 확인되고 있으나, 임상역학적 위험도가 확인되지 않은 유형이다.

주요 변이 바이러스(VOC)에는 영국 유래의 알파, 남아공 유래의 베타, 브라질 유래의 감마, 인도 유래의 델타, 남아공 등의 다수 국가에서 유래한 오미크론이 있고, 현재까지 확인된 주요 변이 바이러스의 특성은 표 1에 기술하였다[8,9,10]. 기타 변이 바이러스(VOI)는 페루 유래의 람다, 콜럼비아의 뮤 변이가 있으나, 8월 이후 기타 변이 바이러스(VOI)는 국내에서 검출되지 않았다.

3. 해외 코로나19 변이 바이러스 현황

코로나19 유전자 데이터베이스에 등록된 전 세계 변이 바이러스 현황을 분석한 결과(그림 1), 7월부터 델타가 90% 이상을 점유하였으나, 11월 오미크론의 출현과 함께 12월부터 감소하였다. 전파력이 높은 오미크론은 전 세계로 확산하며 12월 42.1%, 1월 95.1%의 점유율을 나타내어 전 세계적인 우세종이 되었다[6]. 주요 국가별로는 오미크론을 가장 먼저 WHO에 보고한 남아공에서 11월에 오미크론 우세화를 확인할 수 있었고, 영국, 호주, 미국, 이스라엘, 덴마크, 스페인, 싱가폴 등에서는 12월에 오미크론 우세화가

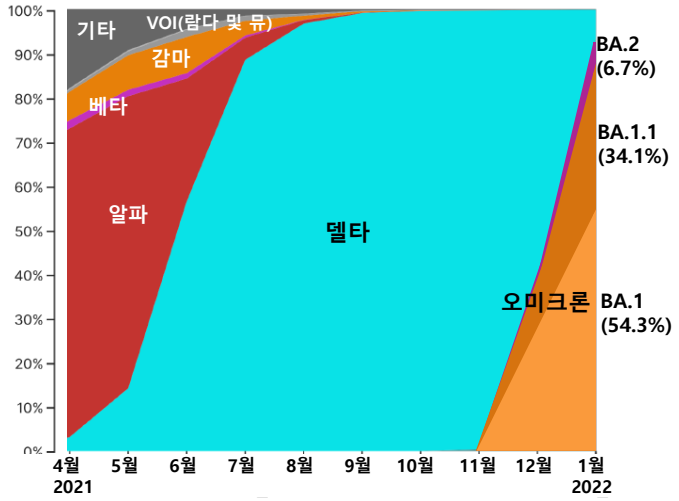
확인되었다. 대한민국은 뉴질랜드, 리투아니아 등과 함께 1월 중순경 오미크론이 우세종이 되었다.

오미크론이 확산되며 오미크론의 계통은 기존의 B.1.1.529에서 BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.3 계통으로 세분화되었다. 1월 BA.1은 54.3%, BA.1.1은 34.1%, BA.2 6.7%의 점유율을 각각 나타내었으나, 최근 BA.2의 증가 추세가 확인되고 있으며, 특히 덴마크, 인도, 남아공, 네팔, 필리핀 등에서 증가가 확인되었다. BA.2는 BA.1과 달리 스파이크(S) 단백질의 69–70결실이 없는 특징이 있다. 영국 등 일부 국가에서 사용하는 PCR 진단 시약은 69–70결실을 타겟으로 포함하여 코로나19 진단과 함께 오미크론 추정에 활용하고 있으나, BA.2는 69–70결실이 없어 해당 시약으로는 PCR 진단시 S 단백질이 검출이 안되어(Spike gene target filure, SGTF) 오미크론으로 추정을

표 1. 주요 변이 바이러스의 특징

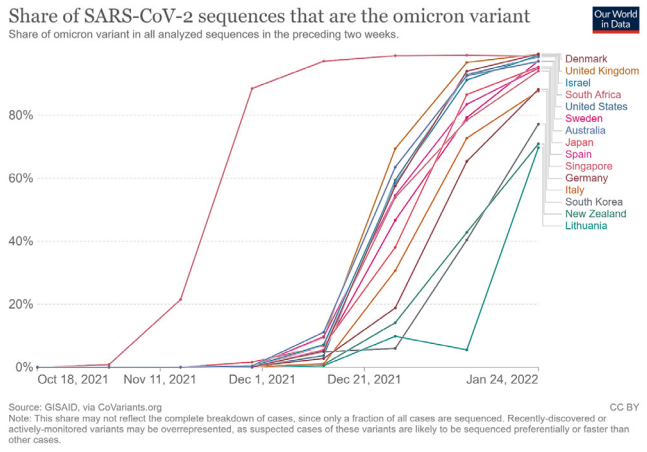
WHO 명칭	Pango lineage*	GISAID	최초 확인	특성
알파	B.1.1.7 (Q.1~Q.8)	GRY	영국 2020.9.	• 전파력 1.5배 증가 • 입원 증가, 중증도 · 사망위험도 증가 • 백신효과 유지
베타	B.1.351 (B.1.351.1~ B.1.351.5)	GH/501Y.V2	남아공 2020.5.	• 전파력 1.5배 증가 • 입원 및 병원내 사망위험도 증가 • 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보호효과 유지(제한적 근거)
감마	P.1 (P.1.1~P.1.17)	GR/501Y.V3	브라질 2020.11.	• 전파력 약 2배 증가 • 입원 및 중증도 증가 • 백신효과 불분명(제한적 근거)
델타	B.1.617.2 (AY.1~AY.133)	GK	인도 2020.10.	• 알파형 변이 대비 1.6배 높은 전파력 • 입원 증가 • 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보호효과 유지
오미크론	B.1.1.529 (BA.1~BA.3)	GRA	다수 국가 2021.11	• 델타형 변이 대비 2~3배 높은 전파력 • 입원 및 중증도 감소 • 재감염 가능성 증가 • 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보고효과 감소

* 모든 후대 계통을 포함



* GISAID 2022.2.5

a. 세계 변이바이러스 점유율 현황



* Our World in DATA 2022.2.5

b. 주요 국가별 오미크론 점유율 현황

그림 1. 해외 변이 바이러스 점유율 현황

할 수가 없고, 이러한 특징 때문에 '스텔스 오미크론'이라고도 불리고 있다[11]. 초기 제한적인 연구결과에 따르면 BA.2가 BA.1보다 높은 전파력을 나타내고, 입원율, 백신효과 등은 BA.1과 BA.2가 유사한 것으로 나타나고 있으나, 추가 연구가 필요한 상황이다[12,13].

4. 국내 코로나19 바이러스 유전자 분석 및 변이 감시 결과

질병관리청은 2020년 1월 20일 코로나19 바이러스 유전체 분석을 시작한 이후부터 2022년 2월 5일까지 국내 발생 및 해외유입 확진자 대상 총 135,818건(국내 121,506건, 해외 14,312건)에 대한 유전자 분석을 실시하였다(국내 전체 확진자의 14.5%). 특히 변이 바이러스가 해외입국자 중 국내에서 처음 확인된 2020년 12월 28일 이후 분석 역량 확대를 지속 추진하여, 2월부터 질병대응센터 5개소에서는 스파이크(S) 단백질을 타겟으로 하는 유전자 분석을 실시하였고, 7월부터는 18개 시도보건환경연구원에서 주요 변이 4종(알파, 베타, 감마, 델타)에 대한 변이 PCR 분석에 순차적으로 착수하였다. 보통 5~7일이 소요되는 전장유전체분석 외에 3~4일 소요되는 S 단백질 유전체 분석, 1~2일 소요되는 변이 PCR 분석을 추가함으로써 변이 바이러스 분석시간 단축과 함께 분석량을 효과적으로 확대할 수 있었다. 또한 11월 26일 오미크론의 주요 변이 바이러스 지정과 함께 신속하게 대응하기 위해 오미크론 변이 PCR 개발에 착수하였고, 12월 30일부터 권역별대응센터 및 시도보건환경연구원에 보급하여 오미크론 분석을 시작하였다. 그 결과 2021년 4월 확진자 대비 분석률은 16.9%(3,190건)이었고,

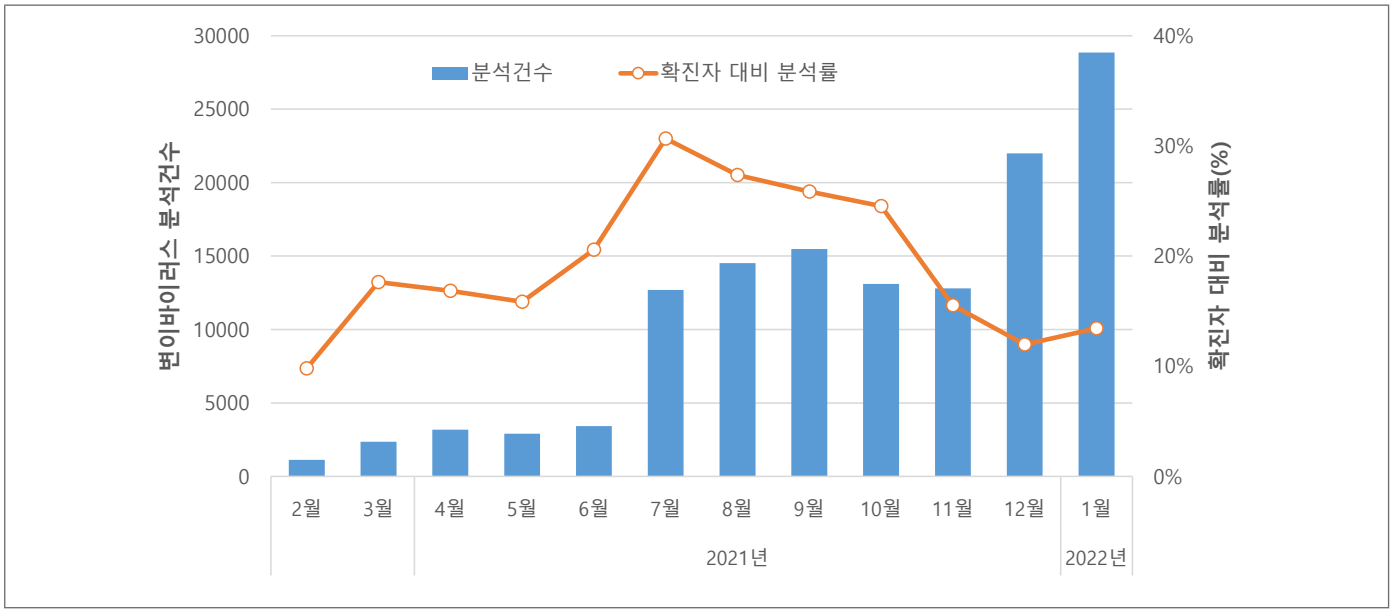


그림 2. 코로나19 변이 바이러스 분석 건수 및 확진자 대비 분석률

표 2. 주요 국가별 확진자 대비 변이 분석률 현황(2021년)

(Our world in data 및 GISAID 등, 2022.2.5.)

구분		대한민국	영국	미국	스웨덴	벨기에	독일	스페인	이탈리아	프랑스
2021년 전체		17.6%	14.4%	6.2%	15.8%	5.2%	6.4%	1.9%	2.1%	2.2%
11월		15.1%	19.9%	9.7%	29.8%	1.6%	3.6%	4.4%	2.8%	5.2%
12월		12.1%	9.7%	4.8%	5.2%	2.0%	4.1%	0.8%	0.9%	1.1%
비고*	환자수	증	증	증	증	감	감	증	증	증
	분석률	감	감	감	감	증	증	감	감	감

* 11월 대비 12월 환자수 및 분석률 증감 현황

7월에는 30.7% (12,689건)까지 증가하였다. 이후 계속 20% 이상의 분석률을 유지하다 11월 이후 국내 확진자 증가로 분석률이 감소추세를 보였으나, WHO 및 유럽질병관리예방센터(European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC)에서 권고하는 5~10% 이상의 변이 분석을 실시하였다(그림 2). 해외 주요 선진국의 2021년 변이 바이러스 분석률은 영국 14.4%, 미국 6.2%, 독일 6.4% 등을 나타내고, 대한민국은 17.6%에 대한 분석을 실시하였다. 오미크론이 전 세계적으로 확산된 11월부터 확진자가 급증하며 영국의 경우 11월 19.9%에서 12월 9.5%로 분석률이 감소하였고, 미국도 9.7%에서 4.8%로 감소하는 등 전 세계 주요 국가의 분석률도 상대적으로 감소하는 경향을 나타내었다(표 2).

국내에서도 WHO와 같이 주요 변이 바이러스(VOC)를 정의하며 변이를 감시한 결과, 2020년 12월부터 2021년 2월 5일까지 주요 변이 바이러스가 총 118,450건 확인되었고, 델타 92,271건, 오미크론 22,703건, 알파 3,296건, 베타 153건, 감마 27건 순으로 확인되었다(그림 3).

해외유입사례의 경우 2021년 4월(13.6%) 델타가 국내에 처음 유입된 후, 5월 39.3%, 6월 76.2%의 검출률을 보이며, 해외유입 사례 절반 이상을 차지하였다. 델타의 전 세계적인 확산과 함께 국내에 입국하는 확진자에서도 델타 사례가 계속 증가하여 7월부터

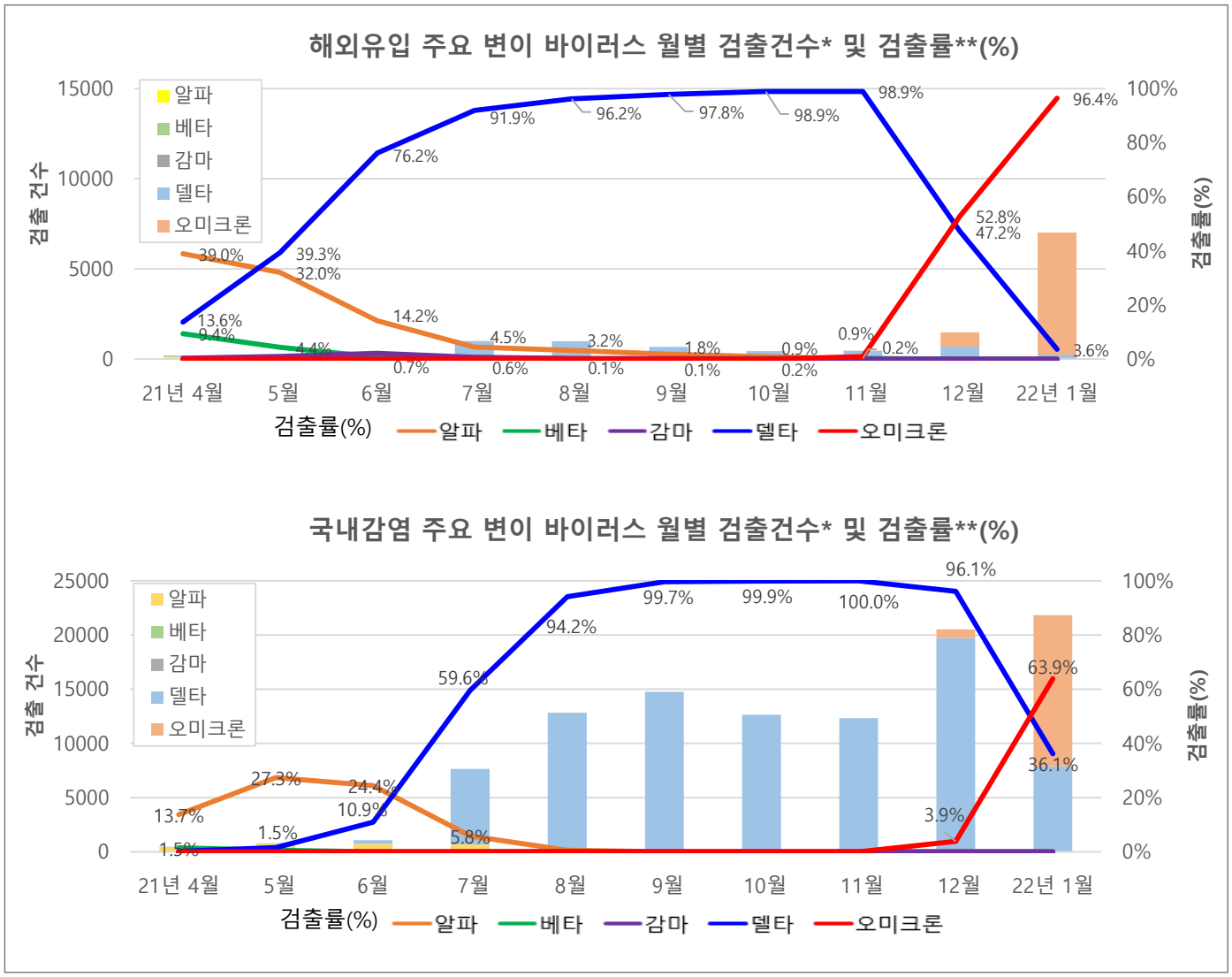


그림 3. 주요 변이 바이러스(VOC) 확인 건수 및 월별 검출률

*확진일 기준, **변이 바이러스 검출률(%) = (변이 바이러스 수 / 분석 건수) ×100

90% 이상의 검출률을 나타내었다. 11월말 오미크론이 출현한 후, 국내에서도 나이지리아를 다녀온 여행자로부터 오미크론이 처음 검출되었다. 이후 해외유입사례에서도 오미크론이 급증하여 12월 52.8%, 2022년 1월 96.4%의 검출률을 나타내었다.

국내감염사례의 경우 2021년 4월까지는 알파 변이가 13.7%의 가장 높은 검출률을 나타내었다. 해외유입사례에서 먼저 확인된 델타가 국내감염 사례에서도 4월(0.1%)에 첫 확인된 후, 7월 59.6%로 우세종이 되었다. 이후 델타는 90% 이상의 검출률을 보이다 11월말 국내에 오미크론이 유입된 이후 급감하여 2022년 1월 검출률 36.1%를 보이며 지속 감소하였다. 나이지리아를 다녀온 여행자와 접촉한 사례로부터 국내 첫 감염이 확인된 오미크론은 12월에 3.9%의 검출률을 보이며 국내에서 급격히 전파되었고, 2022년 1월 63.9%의 검출률을 나타내며 우세종이 되었다. 권역별로는 수도권에서 오미크론이 2022년 2주차에 54.4%의 검출률을 보이며 우세종이 되었고, 호남권은 2주차에 78.5%, 강원권은 2주차에 54.2%, 경북권은 3주차에 85.6%, 충청권은 3주차에 81.4%, 제주권은 3주차에 77.3% 경남권은 3주차에 70.5%의 검출률을 보이며 우세종이 되었다(그림 4).

국내 유행하는 바이러스의 세부계통을 분석하기 위해 2021년 4월부터 2022년 2월 5일까지 생산한 전장유전체 24,327건을 분석하였다(그림 5). 해외유입사례의 경우 4월부터 델타의 다양한 세부계통이 확인되었다. AY.122 (16.2%), B1.617.2 (9.8%), AY.23 (8.0%) 등 100여 가지 델타 세부계통이 확인되었으나, 12월부터 오미크론의 확산과 함께 감소하였다. 2022년 1월 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 42.5%, BA.1 38.8%, BA.2 17.4%를 나타내었다. 최근 전세계적으로 증가세가 확인되는 BA.2도 2021.12월 3.2%에서 2022년 1월 17.4%로 유입 증가가 확인되었다. 국내감염사례에서도 4월 델타가 처음 확인된 후 지속 증가였다. 델타의 세부계통 AY.69이

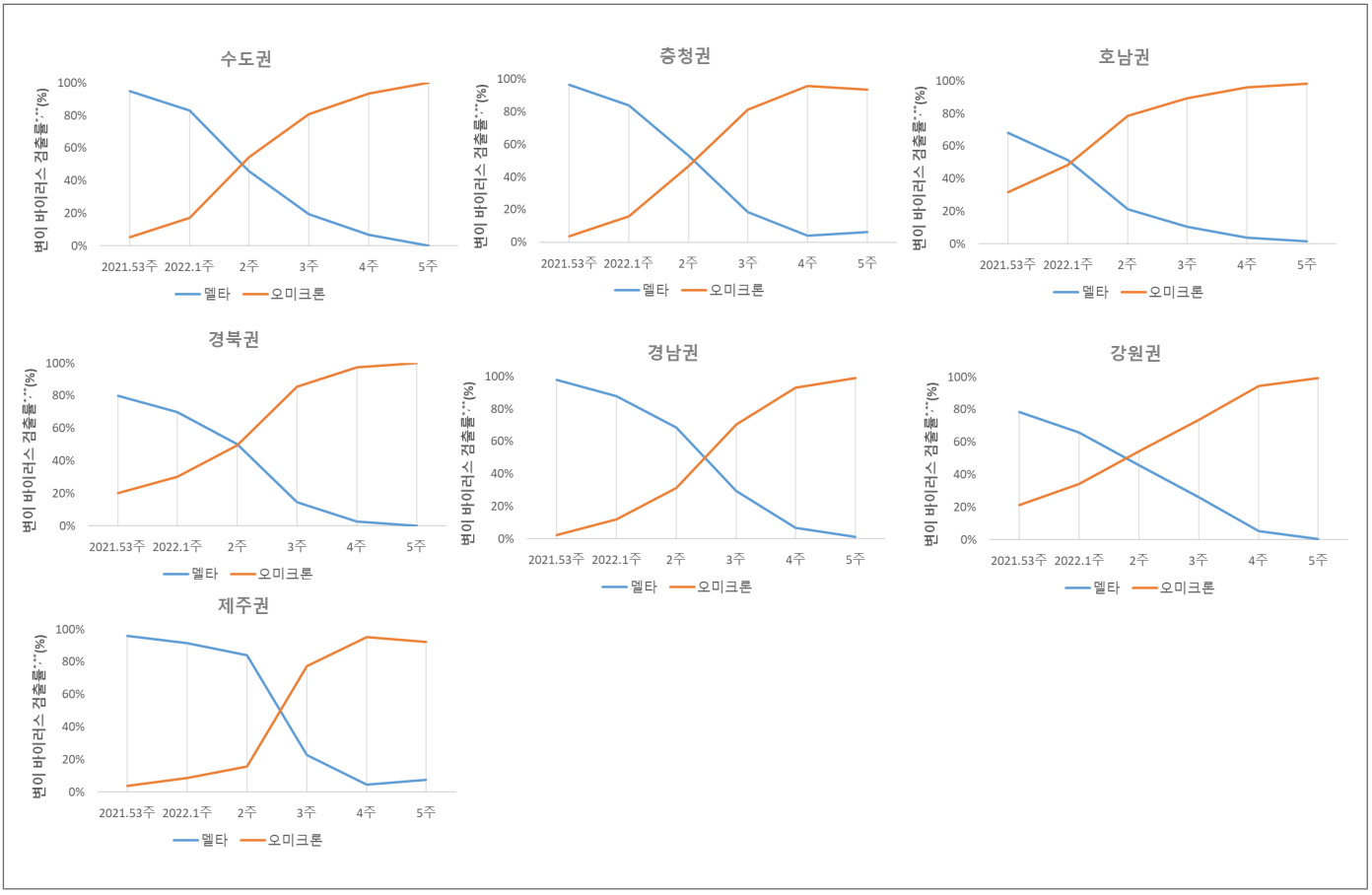


그림 4. 권역별 델타 및 오미크론 변이 바이러스의 주차별 검출률

*확진일 기준, **변이 바이러스 검출률(%) = (변이 바이러스 수 / 분석 건수) ×100

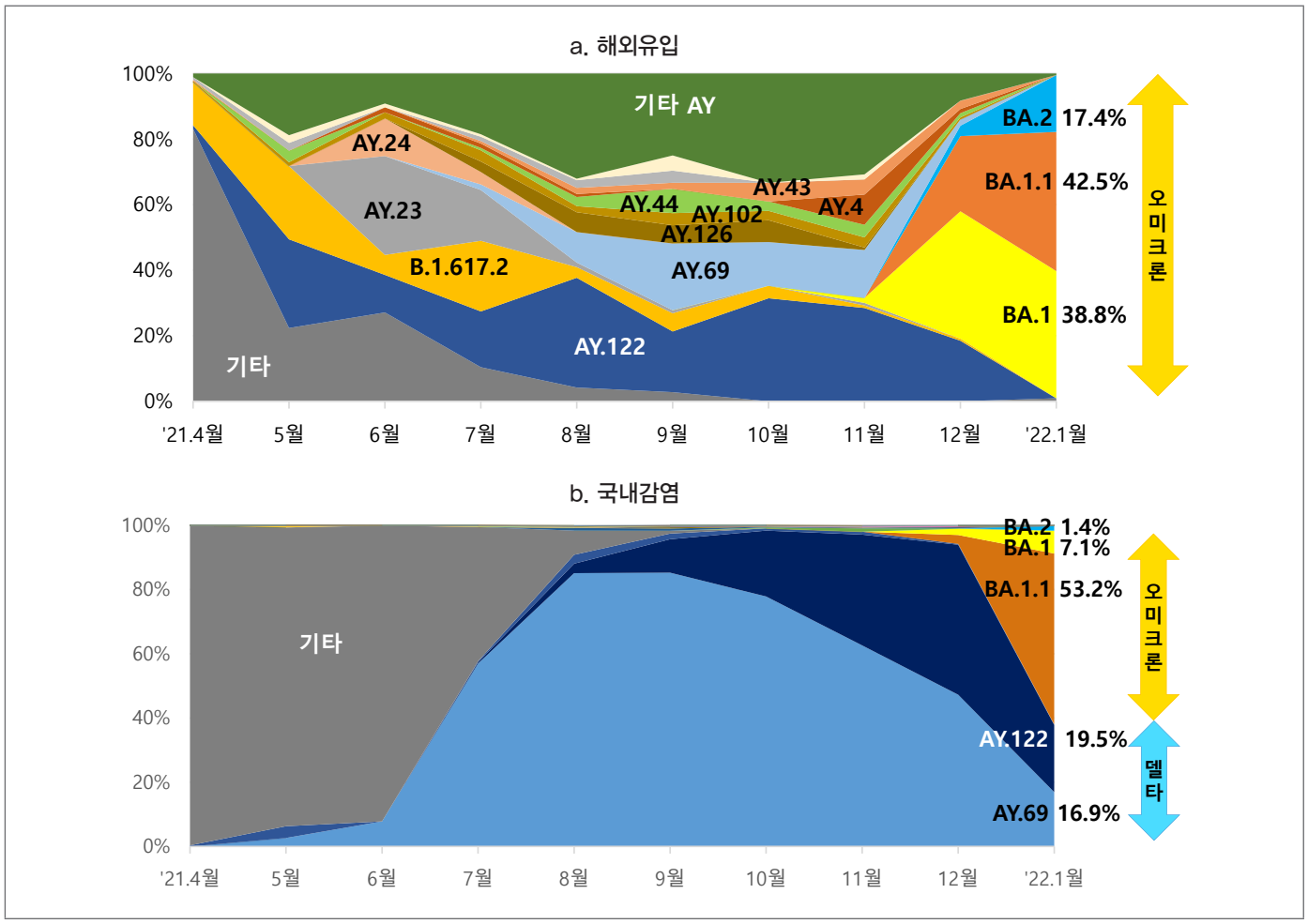


그림 5. 국내 변이 바이러스 세부계통별 점유 현황

대부분(56.7%)를 차지하였고, 7월 이후에는 AY.122 (19.67%)가 확인된 후 증가추세를 나타내며 8월부터 델타의 세부계통이 90% 이상을 점유하였으나, 12월 오미크론이 검출되기 시작하며, AY.69와 AY.122 모두 감소세를 나타낸 결과, 2022년 1월 점유율은 각각 16.9%와 19.5%를 나타내었다. 오미크론이 처음 확인된 2021년 12월, 세부계통은 BA.1 1.9%,

BA.1.1 2.8%의 점유율을 나타내었고, 이후 급격히 확산되며 2022년 1월 BA.1 7.1%, BA.1.1 53.2%, BA.2 1.4%의 점유율을 보여, BA.1.1이 가장 우세하였다. 1월에 처음 확인된 BA.2는 아직 점유율은 낮으나 증가하는 추세를 보여 지속적인 모니터링이 필요한 상황이다. 델타의 경우 해외유입과 국내의 세부계통이 상당한 차이를 나타내었으며, 이는 검역단계를 통해 일부 델타 세부계통만이 국내에서 전파가 이루어졌기 때문으로 사료된다. 오미크론의 경우는 해외유입에서 가장 많이 확인되는 BA.1.1이 국내에서도 우세하게 확인되고 있다. 다만, 해외에서 증가세를 나타내는 BA.2가 국내 전파에도 영향을 미칠 수 있고, 오미크론의 전 세계적 우세화로 인해 다양한 세부계통으로 나뉘어 전파될 수 있으며, 또다른 신규 변이가 발생하여 국내에도 유입될 수 있어 국가별 변이 발생상황에 대한 모니터링과 지속적인 변이 바이러스 감시 및 분석이 필요하다.

맺는 말

중앙방역대책본부 진단분석단 검사분석팀은 코로나19 전장유전체분석 등을 통해 코로나19의 변이 바이러스와 유전적 특성을 분석하고, 변이 PCR 도입 등 분석법 개발 및 지자체 참여

등을 통해 역량을 확대하였다. 그 결과 주요 변이 바이러스 알파, 베타, 감마, 델타, 오미크론을 신속하게 검출하고 그 추이를 분석한 정보를 제공하여 코로나의 확산에 효과적으로 대응할 수 있었다. 현재 오미크론이 전 세계적으로 우세화되어 다수의 확진자가 발생하고 있으나, 바이러스의 특성상 변이가 지속적으로 나타나고, 모든 변이가 문제가 되는 것은 아니지만, 일부 변이 바이러스의 전파가 확산될 가능성도 항상 존재하고 있다. 이에 변이 바이러스 확산과 신규 변이 바이러스 출현에 대응하기 위해서는 국가별 변이 바이러스 발생 상황에 대한 모니터링과 함께 지속적인 변이 바이러스 감시 및 특성 분석이 필요하다.

① 이전에 알려진 내용은?

2019년 12월 말부터 영국, 남아프리카공화국, 브라질 등에서 유래한 코로나19 변이 바이러스가 나타난 이후 2020년 4월부터 인도 유래의 델타 변이 바이러스가 전 세계로 확산되었고, 2022년 1월 현재 오미크론 변이 바이러스가 전 세계에서 유행하고 있다. 변이 바이러스는 전파력 및 병원성 증가, 면역반응 감소 등 기존 바이러스와는 차이를 나타내는 것으로 알려져 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

국내감염 사례의 경우, 2021년 4월부터 증가한 델타 변이가 2021년 7월 59.6%의 검출률을 나타내어 우세종이 되었으나, 2022년 1월 오미크론 검출률이 63.9%가 되어 국내 우세종이 오미크론으로 바뀌었다. 전장유전체분석을 통한 변이 바이러스 세부계통 분석 결과, 2022년 1월 국내감염 사례에서 확인되는 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 53.2%, BA.1 7.1%, BA.2 1.4%로 확인되었다.

③ 시사점은?

국가별 변이 바이러스 발생 상황에 대한 모니터링과 함께 지속적인 변이 바이러스 감시 및 특성 분석 기반으로 신규 변이 바이러스 출현 및 변이 바이러스 확산에 대한 대응전략 수립이 필요하다.

감사의 글

변이 바이러스 감시에 참여한 5개 권역별대응센터 진단분석과, 18개 보건환경연구원 담당자 분들께 감사드립니다.

참고문헌

1. NERVTAG: Brief note on SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 (27 January 2021), http://www.gov.uk
2. WHO, Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern (26 November, 2021)
3. WHO, Tracking SARS-CoV-2 variants (26 November, 2021)
4. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (25 February 2021), Special edition: Proposed working definitions of SARS-CoV-2 Variants of Interest and Variants of Concern
5. WHO, Tracking SARS-CoV-2 variants, https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/
6. GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza), https://www.gisaid.org
7. PANGO Lineages, https://cov-lineages.org
8. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (11 January 2022)
9. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (25 January 2022)
10. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (8 Febrary 2022)
11. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (7 December 2021)
12. UKHSA, SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England, Technical briefing 35 (28 January 2022)
13. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (15 Febrary 2022)

Abstract

Status and characteristics of the SARS-CoV-2 variant outbreak in the Republic of Korea in January 2021

Kim Il-Hwan, Park Ae Kyung, Lee Hyeokjin, Kim Heui Man Kim Junyoung, Kim Jeong-Ah, No Jin Sun, Lee Chae young, Rhee JeeEun, Kim Eun-Jin
Laboratory Analysis Team, Laboratory Diagnosis Task Force, Central Disease Control Headquarters, Korea Disease Control and Prevention Agency

As the coronavirus disease 2019 (COVID-19), which occurred in December 2019, spreads worldwide, variant viruses such as Alpha, Beta, Gamma, Delta, and Omicron are continuously emerging. The Delta variant from India spread rapidly among countries from April and became the dominant variant, and its incidence then decreased from December 2021. The Omicron variant, which was reported in South Africa in November, is now the dominant variant and is prevalent worldwide.

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has been conducting genomic surveillance to track, analyze the source of infection and identify genetic mutations of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2). As a result of conducting genome sequencing and PCR analysis on positive samples of confirmed cases related to local infection and overseas imports, a total of 118,450 variants of concern (VOC) (Delta 92,271, Omicron 22,703, Alpha 3,296, Beta 153, and Gamma 27) were confirmed from January 2020 to February 5, 2022. Regarding imported cases, after the Delta variant was first confirmed in Korea in April 2021, its detection rate was 39.3% in May and 76.2% in June. The Delta variant was confirmed in most cases; the detection rate of the Omicron variant in December was 52.8%, showing a changed trend, and that in January 2022 was 96.4%. Regarding domestic infection, Delta became the dominant variant with a detection rate of 59.6% in July 2021; however, Omicron bacame the dominant variant in January 2022 with a detection rate of 63.9%. As a result of the sub-lineage analysis of variants via whole genome analysis, the proportions of Omicron sub-lineages confirmed in domestic infections in January were 53.2%, 7.1%, and 1.4% for BA.1.1, BA.1, and BA.2, respectively.

The KCDA has been providing evidence to prevent the spread of COVID-19 by rapidly detecting and analyzing variant viruses and conducting continuous monitoring to respond to the emergence of new SARS-CoV-2 variants.

Keywords: Coronavirus Disease-19 (COVID-19), SARS-CoV-2, Genomic surveillance, Whole Genome Sequencing, Variant of Concern (VOC), Variant of Interest (VOI)

Table 1. Characteristics of variants of concern (VOC)

WHO label	Pango lineage*	GISAID	Earliest Documented Samples	Phenotypic impacts
Alpha	B.1.1.7 (Q.1~Q.8)	GRY	United Kingdom Sep. 2020	• Increased transmissibility • Possible increased risk of hospitalization and possible increased risk of severe disease and death • Vaccine performance: Protection retained against all vaccines
Beta	B.1.351 (B.1.351.1~ B.1.351.5)	GH/501Y.V2	South Africa May-2020	• Increased transmissibility • Possible increased risk of hospitalization and possible increased in-hospital mortality • Vaccine performance: Protection retained against severe disease and reduced protection against symptomatic disease (limited evidence)
Gamma	P.1 (P.1.1~P.1.17)	GR/501Y.V3	Brazil Nov. 2020	• Increased transmissibility • Possible increased risk of hospitalization and possible increased risk of severe disease • Vaccine performance: Unclear impact (limited evidence)
Delta	B.1.617.2 (AY.1~AY.133)	GK	India Oct. 2020	• Increased transmissibility • Possible increased risk of hospitalization • Vaccine performance: protection retained against severe disease and possible reduced protection against symptomatic disease and infection
Omicron	B.1.1.529 (BA.1~BA.3)	GRA	Multiple countries Nov. 2020	• Increased transmissibility and reinfection • Reduced risk of hospitalization and severe disease • Vaccine performance: Reduced protection against infection and symptomatic disease and possible reduced protection against severe disease

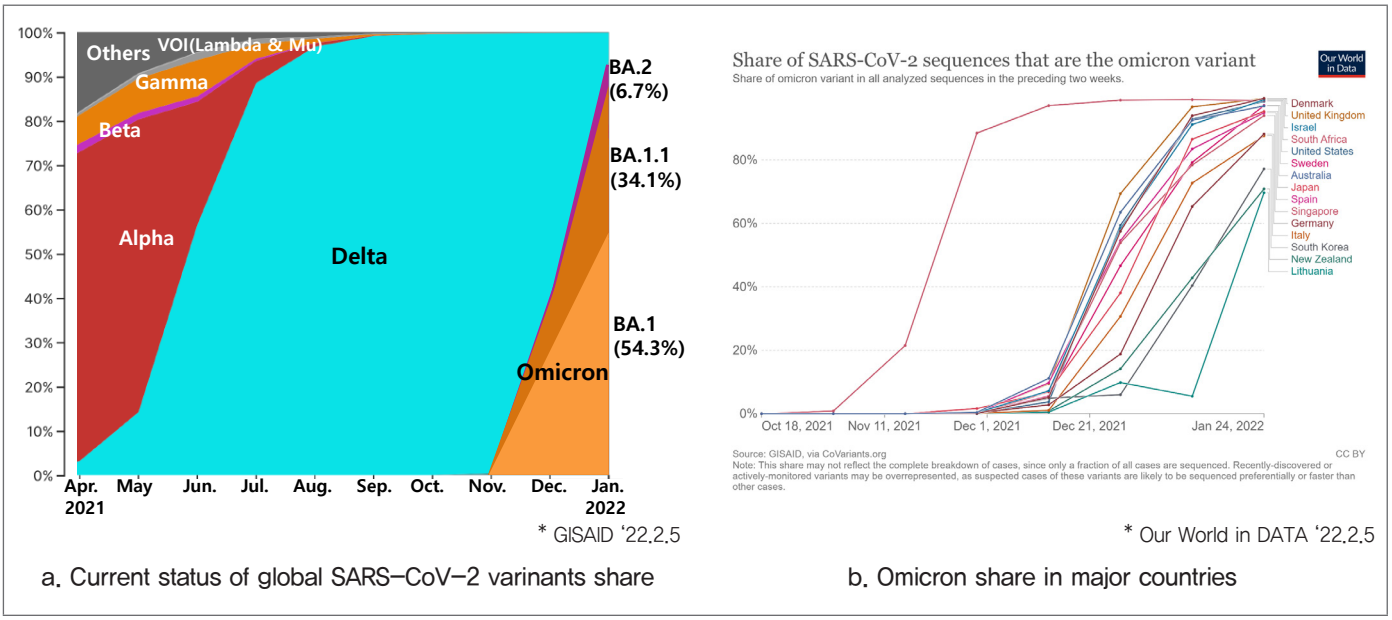
* Includes all descendent lineages

Table 2. Variant analysis rate compared with confirmed cases in major countries (2021)

(Our world in data, GISAID, '22.2.5.)

		Republic of Korea	United Kingdom	United States	Sweden	Belgium	Germany	Spain	Italy	France
2021 total		17.6%	14.4%	6.2%	15.8%	5.2%	6.4%	1.9%	2.1%	2.2%
Nov.		15.1%	19.9%	9.7%	29.8%	1.6%	3.6%	4.4%	2.8%	5.2%
Dec.		**12.1%**	**9.7%**	**4.8%**	**5.2%**	**2.0%**	**4.1%**	**0.8%**	**0.9%**	**1.1%**
Note*	No.of Patient	Increased	Increased	Increased	Increased	Decreased	Decreased	Increased	Increased	Increased
	Analysis rate	Decreased	Decreased	Decreased	Decreased	Increased	Increased	Decreased	Decreased	Decreased

* Changes in the number of patients and analysis rate in December compared to November



a. Current status of global SARS-CoV-2 varinants share

b. Omicron share in major countries

Figure 1. Current status of global SARS-CoV-2 variants

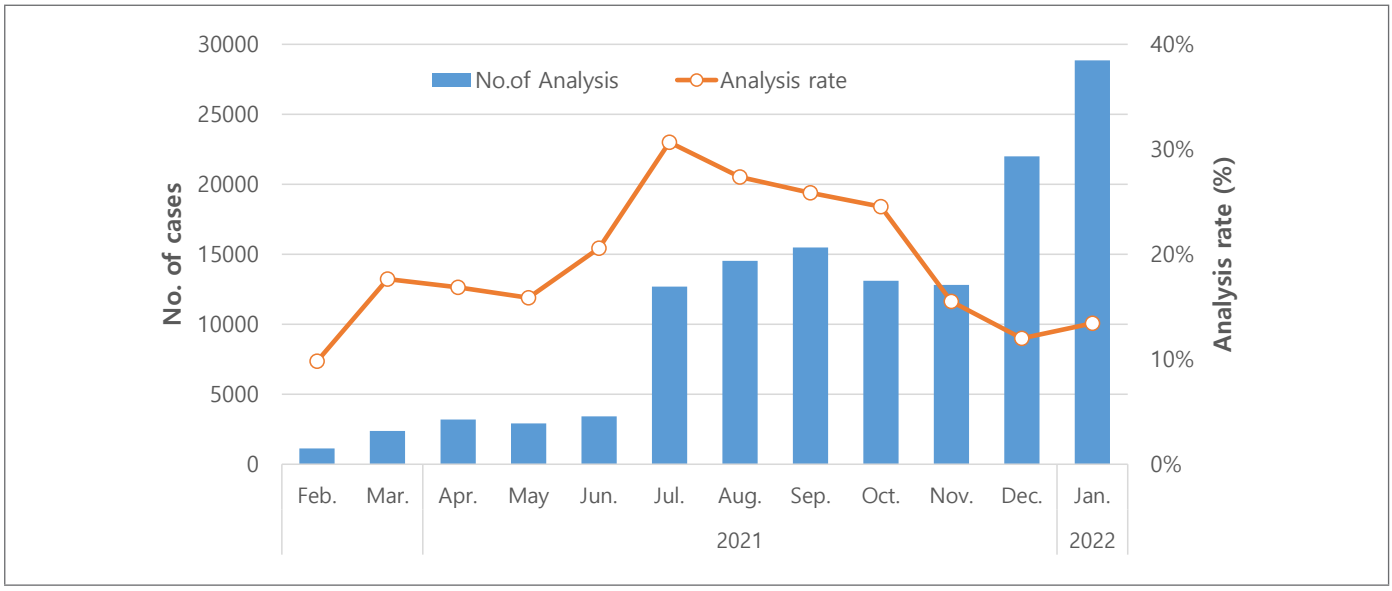


Figure 2. Number of analyzed coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases and rate of analyzed isolates among confirmed cases

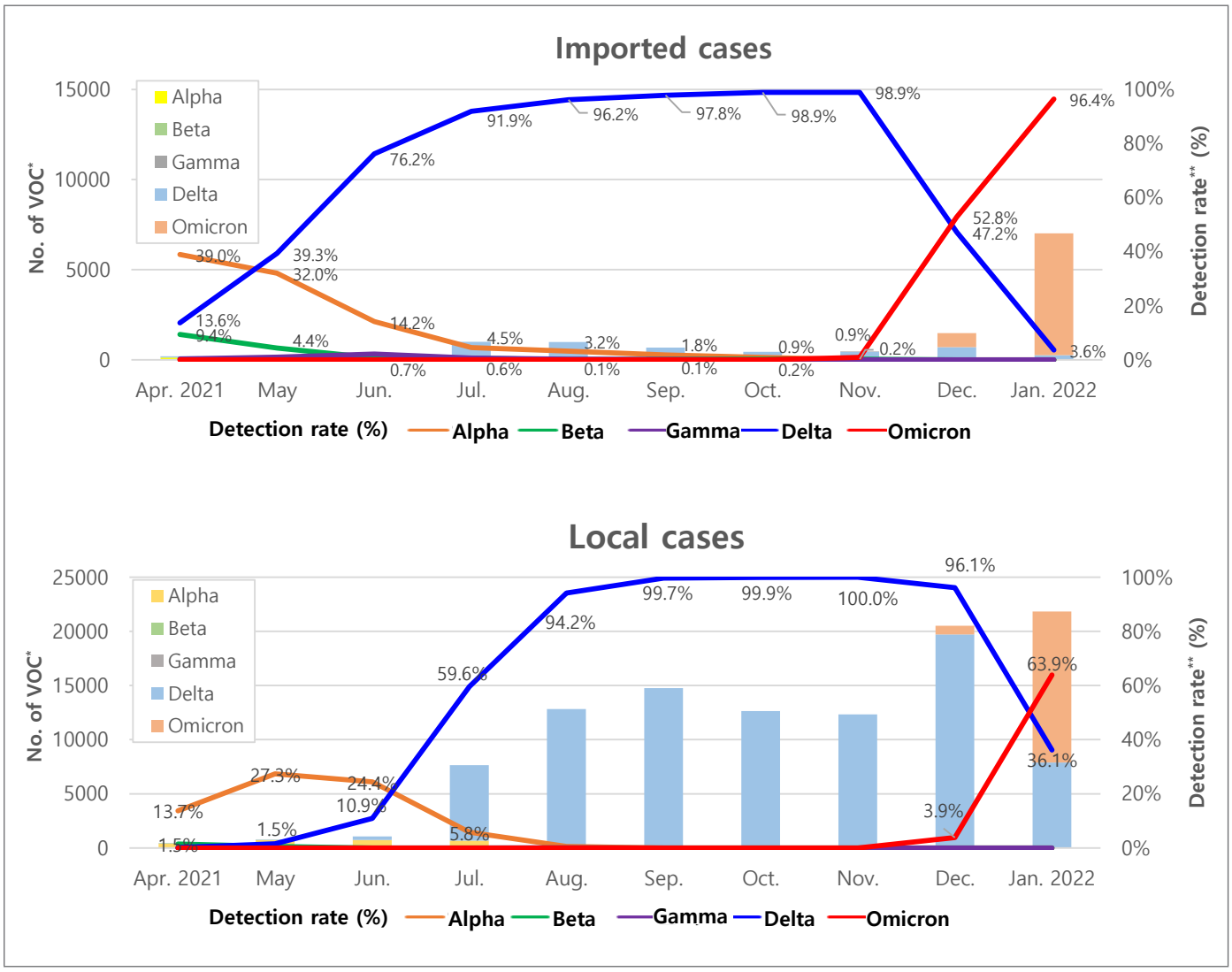


Figure 3. Monthly distribution of SARS-CoV-2 variants

* Based on the date each case was confirmed

** Detection rate of variant (%) = (number of variants / number of analyzed virus) X 100

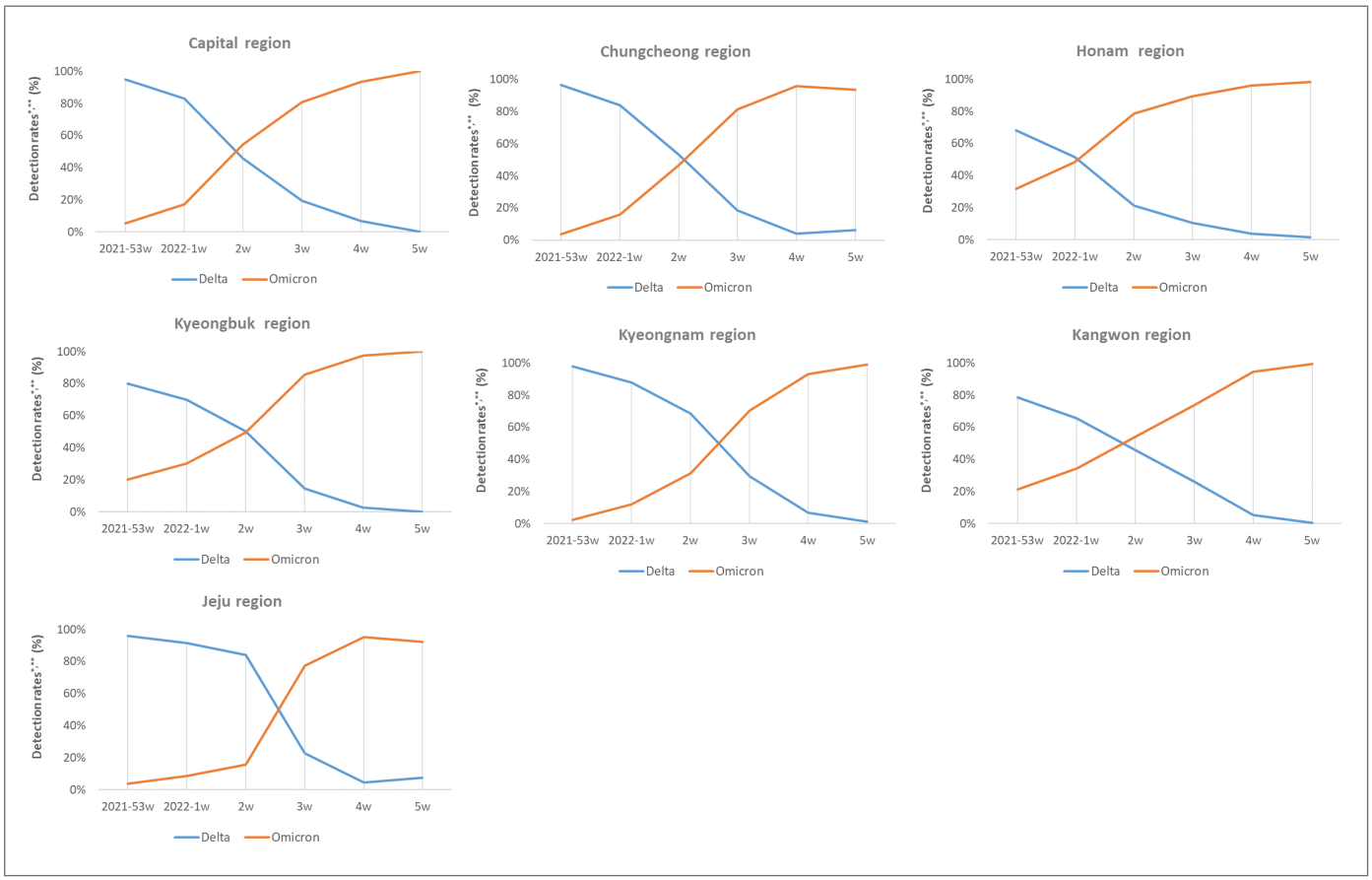


Figure 4. Regional occurrence of Delta and Omicron variants

* Based on the date each case was confirmed

** Detection rate of variant (%) = (number of variants / number of analyzed virus) X 100

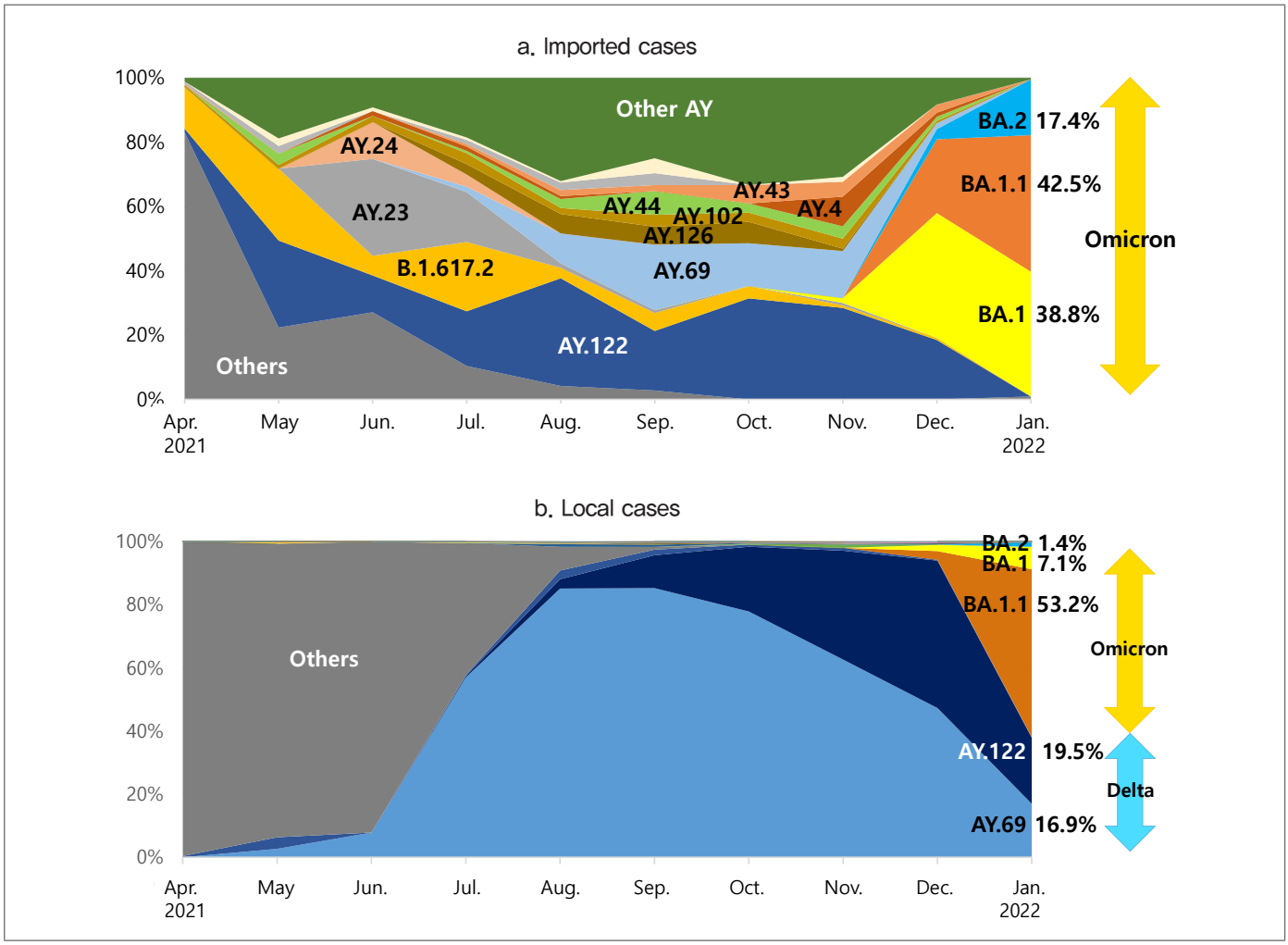


Figure 5. Current status of SARS-CoV-2 variants according to PANGO-lineages

역학 · 관리보고서

국내 바이러스성 뇌염 유발 병원체 조사

질병관리청 감염병진단분석국 바이러스분석과 **임아람, 강혜지, 이예지, 이행림, 조승례, 한명국***

*교신저자 : mghan@korea.kr, 043-719-8190

초 록

뇌염은 뇌실질을 침범하는 염증질환으로, 20%에 이르는 사망률과 생존 후에도 심각한 후유증을 남기는 질병이다. 바이러스성 뇌염은 단순헤르페스바이러스(Herpes simplex virus) 감염에 의해 가장 많이 발병하며 원인 바이러스가 규명되지 않는 사례도 70%에 이른다. 뇌염은 다양한 바이러스와 세균 등의 병원체에 의해 발병하므로 특정 병원체 중심의 제한적인 진단검사로는 원인을 밝히지 못하는 경우가 빈번하다. 따라서 다양한 원인 병원체를 검사할 수 있는 통합적인 뇌염 병원체 진단 체계가 필요하다. 국내 바이러스성 뇌염 원인 병원체 감염현황 선행조사로 일본뇌염 또는 엔테로바이러스 감염증으로 의심되는 뇌염 및 뇌수막염 환자의 뇌척수액 355건을 대상으로 뇌염을 유발하는 주요 바이러스 14종을 검사하였다. 그 결과 바이러스 검출률은 11.3% (40/355)였으며 총 10종의 바이러스가 검출되었다. 수두바이러스와 단순헤르페스바이러스의 검출률이 가장 높았으며 연령별로는 30대에서 29.7% (11/37)로 가장 높은 바이러스 검출률을 보였다. 본 결과는 국내 바이러스성 뇌염 원인 병원체의 감염현황의 선행조사로 뇌염 원인 병원체 감시 체계구축을 위한 대상 병원체 선정 등을 위한 기초자료로 활용할 수 있을 것이다.

주요 검색어 : 뇌염, 바이러스, 진단검사, PCR

들어가는 말

뇌염은 병원체가 중추신경계에 침투하여 뇌실질에 염증이 발생하는 질환이다. 일반적으로 뇌염 환자는 발열, 두통, 의식 수준의 변화 등 다양한 임상증상을 나타낸다. 뇌염은 사망률이 20%에 이르고, 생존 후에도 인지장애를 비롯한 심각한 신경학적 후유증 등으로 질병 부담이 높은 질환이다[1]. 세계적으로 연평균 432만 명의 뇌염환자, 873만 명의 뇌수막염 환자가 발생하며, 연간 뇌염으로 15만 명, 뇌수막염으로 38만 명이 사망한다고 보고되었다[2,3]. 또한, 국내에선 연간 인구 10만 명당 16.5명의 뇌염 환자가 발생한다고 보고되었다[4]. 전체 뇌염 중 바이러스성 뇌염이 20~50%로 가장 많이 발생하지만, 바이러스성 뇌염은 염증이 침범되는 뇌 부위 및 원인 병원체가 다양하여 전체 발생 사례의 70%는 원인을 알 수 없다[5]. 뇌염을 일으키는 원인 바이러스에는 *Herpesviridae* (7종), Arbovirus (16종), *Paramyxoviridae* (3종), *Arenaviridae* (2종), Enterovirus, Influenza virus, Rabies virus, Rubella virus, Parechovirus, Parvovirus B19 등 30 여종으로 다양하다. 뇌염을 일으키는 바이러스의 체내 감염경로는 병원체에 따라 상이하여 폴리오바이러스를 포함한 엔테로바이러스는 위장관으로, 단순헤르페스바이러스(Herpes simplex virus)는 주로 구강 또는 생식기를 통해 감염된다. 유행성이하선염바이러스(Mumps virus), 홍역바이러스(Measles virus), 수두바이러스(Varicella zoster virus)는 호흡기를 통하여 체내로 들어오고, 공수병바이러스(Rabies virus)는 동물의 교상으로, 그리고 아보바이러스(Arbovirus)는 모기와 같은 곤충에 의해 감염된다[6,7]. 바이러스가 체내에 침투하면 세포 내에서 증식하고 다시 혈액 내로 나와 바이러스 혈증(viremia)을 일으키는데 이때 신경계 모세혈관이나, 맥락얼기의 혈관으로부터 직접 뇌척수액으로 전파되는 혈행성 경로로 신경계에 침범한다[8].

뇌염의 진단과 치료 효율을 높이기 위해서는 원인 바이러스의 규명이 필수적이지만, 임상 양상만으로 원인 바이러스를 특정할 수 없는 한계점이 있다[9,10]. 원인 바이러스 배양은 수일에서 수주가 소요되고 바이러스별로 민감한 세포주를 선정하여야 하며 뇌척수액에 존재하는 바이러스 농도에 따라 바이러스 분리의 성패가 결정되는 민감도가 낮은 방법이다. 따라서 뇌염 환자의 검체에서 원인 바이러스를 다중으로 검출 가능한 real-time RT-PCR이 선호되는 검사법이다[11,12]. 본 보고서는 뇌염 및 뇌수막염 의심 환자의 뇌척수액 검체를 이용하여 국내 바이러스성 뇌염의 감염현황을 선행조사한 결과를 정리하였다.

몸 말

국내에서 발생하는 바이러스성 뇌염 원인 병원체를 조사하고자 2019~2020년 일본뇌염 의심 검체 269건, 2020~2021년 엔테로바이러스 감염증 의심 검체 86건을 대상으로 14종의 뇌염 유발 바이러스 유전자 검출검사를 수행하였다. 바이러스 검출검사는 동시·다중 유전자 검출검사 키트를 이용하였다.

1. 검사대상 바이러스

본 조사에서는 뇌염을 유발하는 주요 병원체로 알려진 바이러스 14종을 대상으로 검사하였다. 법정 감염병인 일본뇌염 바이러스(Japanese encephalitis virus), 진드기매개뇌염바이러스(Tick-borne encephalitis virus), 수두바이러스(Varicella-zoster virus), 아데노바이러스(Adenovirus), 사람엔테로바이러스(Human enterovirus), 유행성이하선염바이러스(Mumps virus), 그리고 비법정 감염병인 단순헤르페스바이러스 1, 2(Herpes simplex virus 1, 2), 엡스테인바바이러스(Epstein-Barr virus), 사이토메갈로바이러스(Cytomegalo virus), 사람헤르페스바이러스 6, 7(Human herpes virus 6, 7), 파에코바이러스(Human parechovirus), 파보바이러스(Parvovirus)를 대상으로 동시·다중 유전자 검출검사를 실시하였다. 바이러스 유전자가 검출된 검체는 세포에 접종하여 바이러스 분리를 시도하였으며 염기서열을 분석하여 유전형을 분석하였다.

2. 바이러스 검출검사 결과

뇌척수액 검체에서 유전자 검출검사를 수행한 결과 조사대상 병원체의 검출률은 11.3%(40/355)였으며, 10종의 바이러스가 검출되었다. 검출된 바이러스는 법정 감염병인 일본뇌염바이러스, 수두바이러스, 엔테로바이러스, 그리고 비법정 감염병인 단순헤르페스바이러스 1, 2, 사람헤르페스바이러스 6, 엡스테인바바이러스, 파에코바이러스, 사이토메갈로 바이러스, 파보바이러스가 검출되었다(표 1).

검출률이 가장 높은 바이러스는 수두바이러스(10건) 였으며 다음으로 단순헤르페스바이러스 1(9건), 엔테로바이러스(7건), 엡스테인바바이러스(6건), 파에코바이러스(2건), 일본뇌염바이러스(2건)가 검출되었다. 또한 단순헤르페스바이러스 2, 사이토메갈로바이러스, 파보바이러스, 헤르페스바이러스 6는 각각 1건씩 검출되었다. 진드기매개뇌염바이러스, 헤르페스바이러스 7, 아데노바이러스, 유행성이하선염바이러스는 검출되지 않았다. 추가로 분석한 결과 검출된 엔테로바이러스 6건 중 3건의 유전형은 echovirus 4로 확인되었으며, 파에코바이러스는 type 2와 type 3가 각각 1건씩 확인되었다. 또한 일본뇌염바이러스, 엔테로바이러스, 파에코바이러스는 분리를 시도하였으나 분리되지 않았다.

3. 연령별 바이러스 검출현황

대부분의 연령대에서 검출된 바이러스는 헤르페스바이러스와 수두바이러스였으며 검출률은 6종의 바이러스가 검출된 30~39세 그룹에서 29.7%(11/37)로 가장 높았다. 다음으로는 70~79세 그룹의 검출률이 20.0%(7/35)으로 높았으며 바이러스 4종이 검출되었고, 60~69세 그룹에서 13.6%(6/43), 10~19세 그룹에서 13.0%(3/23) 순서의 검출률을 보였다. 30~39세 그룹에서는 엔테로바이러스가 5건으로 가장 많이 검출되었으며 수두바이러스 2건, 그리고

표 1. 뇌염 원인 바이러스의 검출률

검사 대상 바이러스		검출건수	검출률(%)
과 (Famaily)	종 (species)		
Herpesviridae	Varicella-zoster virus (VZV)	10	2.8
	Herpes simplex virus 1 (HSV1)	9	2.5
	Epstein-Barr virus (EBV)	6	1.7
	Herpes simplex virus 2 (HSV2)	1	0.3
	Cytomegalovirus (CMV)	1	0.3
Picornaviridae	Human entero virus (hEV)	7	2.0
	Parechovirus (HPeV)	2	0.6
Flaviviridae	Japanese encephalitis virus (JEV)	2	0.6
Parvoviridae	Parvovirus B19 (PV-B19V)	1	0.3
Herpesviridae	Human herpes virus 6 (HHV6)	1	0.3
	Human herpes virus 7 (HHV7)	0	0.0
Adenoviridae	Adenovirus (AdV)	0	0.0
Paramyxoviridae	Mumps virus (MuV)	0	0.0
Flaviviridae	Tick-borne encephalitis virus (TBEV)	0	0.0
총계		40	11.3

표 2. 연령별 뇌염 원인 바이러스 검출

나이	검사 건수	검출 건수	검출률(%)	검출 바이러스(건)
1~9세	70	2	2.9	EBV (1), hEV (1)
10~19세	35	3	8.6	HSV1 (1), VZV (1), JEV (1)
20~29세	37	4	10.8	HSV1 (2), PV-B19 (1), HPeV-3 (1)
30~39세	37	11	29.7	hEV (5), VZV (2), HSV1 (1), HSV2 (1), HPeV-2 (1), EBV (1)
40~49세	43	3	7.0	HSV1 (1), VZV (2)
50~59세	47	3	6.4	HSV1 (2), VZV (1)
60~69세	43	6	14.0	EBV (2), VZV (1), hEV (1), CMV (1), HHV6 (1)
70~79세	35	7	20.0	HSV1 (2), EBV (2), VZV (2), JEV (1)
80~89세	8	1	13.0	VZV (1)
총계	355	40	11.3	VZV (10), HSV1 (9), hEV (7), EBV (6), JEV (2), HPeV (2), HSV2 (1), CMV (1), PV-B19V (1), HHV6 (1)

단순헤르페스바이러스 1 및 2, 파에코바이러스(유전형 2), 엡스테인바 바이러스는 각각 1건씩 검출되었다(표 2).

맺는 말

국내에서는 2015~2019년에 연평균 뇌수막염 17,555명 뇌염 8,473명, 수막뇌염 9,419명의 환자가 발생했다고 보고되어있다[13]. 뇌염과 수막뇌염 주요 호발 연령대는 10세 미만 아동과 50~60대

장년층으로 보고되어 있다. 또한 연구에 따르면 인구 10만 명당 15명의 뇌염 환자가 발생하며, 성인은 10만 명당 2명, 어린이는 10만 명당 10명의 발생을 보이며 성인에서보다 아동에서 발병률이 더 높다고 보고되었다[5,9]. 바이러스성 뇌염 및 수막염의 주요 병원체는 단순헤르페스바이러스와 수두바이러스로 알려져 있다. 본 조사에서도 다발하는 2종의 병원체가 검출되어 같은 결과를 보였다.

국내 일본뇌염 의심환자 중 일본뇌염 확진자는 연평균 1.25%. 엔테로바이러스 감염증 의심 뇌염 환자 중 엔테로바이러스 검출률은 19% 수준이다. 바이러스성 뇌염의 원인 병원체 규명을 위해서는 임상적 특성에 의한 감별진단과 더불어 관련 병원체의 통합적인 진단검사가 필요하다고 하겠다. 또한 현재 운영되고 있는 급성 호흡기 감염병, 급성 소화기 감염병의 병원체 감시와 같은 뇌염 증후군 병원체 감시체계 운영으로 생산될 뇌염 발생현황에 대한 정보는 뇌염의 진단과 치료 효율을 높이는 데에 주요한 과학적 근거자료를 제공할 것이다.

본 보고서는 국내 바이러스성 뇌염 환자의 뇌염 원인 바이러스의 감염현황의 선행조사 결과를 간략히 정리하였다. 수두바이러스와 단순헤르페스바이러스의 검출률이 가장 높았으며, 이외에도 바이러스성 뇌염 및 뇌수막염의 주요 원인 바이러스가 검출되었다. 그러나 검사대상 검체 건수가 적고, 조사 기간이 짧아 국내 현황을 파악하기엔 한계점이 있으므로 조사대상 및 조사 기간을 확대하여 국내 바이러스성 뇌염의 원인 병원체 현황을 파악하는 것이 필요하다. 본 선행조사 결과는 바이러스성 뇌염 원인 병원체 규명을 위한 감시체계 구축 및 운영에 활용될 수 있을 것이다.

① 이전에 알려진 내용은?

국내에서 연간 인구 10만명당 16.5명의 뇌염 환자가 발생한다고 보고되었다. 전체 뇌염 중 바이러스성 뇌염이 20–50%로 가장 많이 발생하지만, 바이러스성 뇌염은 염증이 침범되는 뇌 부위 및 원인 병원체가 다양하며 전체 발생 사례의 70%는 원인 병원체 규명이 되지 않았다.

② 새로이 알게 된 내용은?

최근 3년간(2019~2021년) 뇌염 의심환자를 대상으로 다발하는 14종의 바이러스를 검사한 결과 10종의 바이러스가 검출되었으며 검출률은 11.3%였다. 수두바이러스와 단순헤르페스바이러스가 검출률이 높아 국내 바이러스성 뇌염의 주요 원인 바이러스로 확인되었다.

③ 시사점은?

뇌염을 유발하는 병원체가 매우 다양하여 뇌염 원인 병원체를 규명하기 위해서는 다양한 병원체의 통합적 검사가 필요하다. 또한 국내 뇌염 유발 병원체 감염현황을 파악하기 위해서는 뇌염 증후군 병원체 감시체계 도입이 요구된다.

참고문헌

1. Korean Neurological Association. *Textbook of Neurology.* 2nd ed. Seoul: Panmun Education 2012;548–52
2. GBD 2015 Mortality and Causes of Death Collaborators. Global, regional, and national life expectancy, all-cause mortality, and cause-specific mortality for 249 causes of death, 1980-2015: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2015. Lancet 2016; 388: 1459-544
3. GBD 2015 Mortality and Causes of Death Collaborators. Global, regional, and national incidence, prevalence, and years lived with disability for 310 diseases and injuries, 1990-2015: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2015. Lancet 2016; 388: 1545-602
4. Fidan Jmor, Hedley CA Emsley, Marc Fischer, Tom Solomon, Penny Lewthwaite. The incidence of acute encephalitis syndrome in Western industrialised and tropical countries. Virol J 2008,5:134
5. Roos KL. Viral meningitis and encephalitis. In: Noseworthy JH. Neurological therapeutics principles and practice. 2nd ed. Informa healthcare, 2006;995–1010.

6. Acute Viral encephalitis. In: Wijdicks EF. The clinical practice of critical care neurology. 2nd ed. Oxford university press. 2003;341–54.
7. Khetsuriani N, Holman RC, Lamonte–Fowlkes AC, Selik RM, Anderson LJ. Trends in encephalitis–associated deaths in the United States. Epidemiol Infect 2007;135:583–91.
8. Debiasi RL. Viral meningitis and encephalitis. In: Miller AE et al. Continuum lifelong learning in neurology. 2006;12:58–94.
9. Scheld WM. Infections of the central nervous system. 3rd ed. Lippincott–Williams & Wilkins. 2004.
10. Steiner I, Budka H, Chaudhuri A, Koskiniemi M, Sainio K, Salonen O, et al. Viral encephalitis: a review of diagnos\–tic methods and guidelines for management. Eur J Neurol 2005;12:331–43.
11. Alokaili DA, Salih MA, Somily AM. Laboratory diagnosis of encephalitis: New insights into areas of uncertainty. J Nat Sci Med 2020;3:3–7.
12. Steiner I, Schmutzhard E, Sellner J, Chaudhuri A, Kennedy PG. European Federation of Neurological Sciences. EFNS–ENS guidelines for the use of PCR technology for the diagnosis of infections of the nervous system. Eur J Neurol 2012;19:1278–91
13. 건강보험심사 평가원, 국민관심질병 통계자료

Abstract

Pathogens causing viral encephalitis in the Republic of Korea

Aram Lim, Hae Ji Kang, Ye-Ji Lee, Haeng rim Lee, Seung-Rye Cho, Myung-Guk Han
Division of Viral Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency

Encephalitis, an inflammatory disease invading the brain parenchyma, presents a mortality rate of up to 20% and severe sequelae even after survival. The most common pathogen responsible for viral encephalitis is the herpes simplex virus, and the causative virus remains unknown in 70% of the cases. Since encephalitis can be caused by various pathogens, such as viruses and bacteria, the underlying cause often remains unidentified, with limited diagnostic tests focused only on specific pathogens. Therefore, an integrated encephalitis pathogen diagnosis system is necessary for examining various causative pathogens.

As a preliminary investigation into the current status of pathogen infections causing viral encephalitis in the Republic of Korea, genetic detection tests for 14 major viruses were performed on 355 cases of cerebrospinal fluid from encephalitis and meningitis patients suspected of Japanese encephalitis or enterovirus infection.

Consequently, the viral detection rate was 11.3% (40/355), and 10 different types of viruses were detected. The detection rates of the varicella zoster and herpes simplex viruses was the highest. Further, based on the age of the patients, those in their 30s exhibited the highest viral detection rate at 29.7% (11/37).

This result can be utilized as the basic data for the selection of target pathogens to establish a surveillance system for encephalitis-causing pathogens as a preliminary investigation of the infection status of pathogens causing viral encephalitis in the Republic of Korea.

Keywords: Encephalitis, Virus, Diagnostics, PCR

Table 1. Detection of viruses responsible for encephalitis

Viruses		No. of detections (%)
Famaily	Species	
Herpesviridae	Varicella-zoster virus (VZV)	10 (2.8)
	Herpes simplex virus 1 (HSV1)	9 (2.5)
	Epstein-Barr virus (EBV)	6 (1.7)
	Herpes simplex virus 2 (HSV2)	1 (0.3)
	Cytomegalovirus (CMV)	1 (0.3)
Picornaviridae	human Enterovirus (hEV)	7 (2.0)
	Parechovirus (PeV)	2 (0.6)
Flaviviridae	Japanese encephalitis virus (JEV)	2 (0.6)
Parvoviridae	Parvovirus B19 (B19V)	1 (0.3)
Herpesviridae	Human herpes virus 6 (HHV6)	1 (0.3)
	Human hperpes virus 7 (HHV7)	0 (0.0)
Adenoviridae	Adenovirus (AdV)	0 (0.0)
Paramyxoviridae	Mumps virus (MuV)	0 (0.0)
Flaviviridae	Tick-borne encephalitis virus (TBEV)	0 (0.0)
	Total	40 (11.3)

Table 2. Encephalitis causative virus detection status based on age

Age group	No. of test	No. of detection (%)	Pathogen (n)
1-9	70	2 (2.9)	EBV (1), hEV (1)
10-19	35	3 (8.6)	HSV1 (1), VZV (1), JEV (1)
20-29	37	4 (10.8)	HSV1 (2), B19 (1), PeV-3 (1)
30-39	37	11(29.7)	hEV (5), VZV (2), HSV1 (1), HSV2 (1), PeV-2 (1), EBV (1)
40-49	43	3 (7.0)	HSV1 (1), VZV (2)
50-59	47	3 (6.4)	HSV1 (2), VZV (1)
60-69	43	6 (14.0)	EBV (2), VZV (1), hEV (1), CMV (1), HHV6 (1)
70-79	35	7 (20.0)	HSV1 (2), EBV (2), VZV (2), JEV (1)
80-89	8	1 (12.5)	VZV (1)
Total	355	40 (11.3)	VZV (10), HSV1 (9), hEV (7), EBV (6), JEV (2), PeV (2), HSV2 (1), CMV (1), B19V (1), HHV6 (1)

만성질환 통계

우울장애유병률 추이, 2014~2020

만 19세 이상 우울장애유병률은 2014년에 비해 2020년은 남자는 큰 변화 없었으나 여자는 2014년 8.8%에서 2020년 6.7%로 소폭 감소하였음(그림 1). 남자는 30대, 여자는 20대가 다른 연령보다 우울장애유병률이 높았음(그림 2).

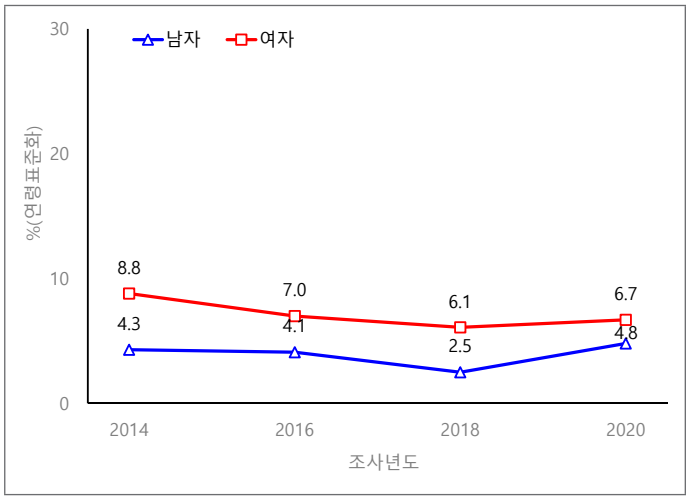


그림 1. 우울장애유병률 추이, 2014~2020

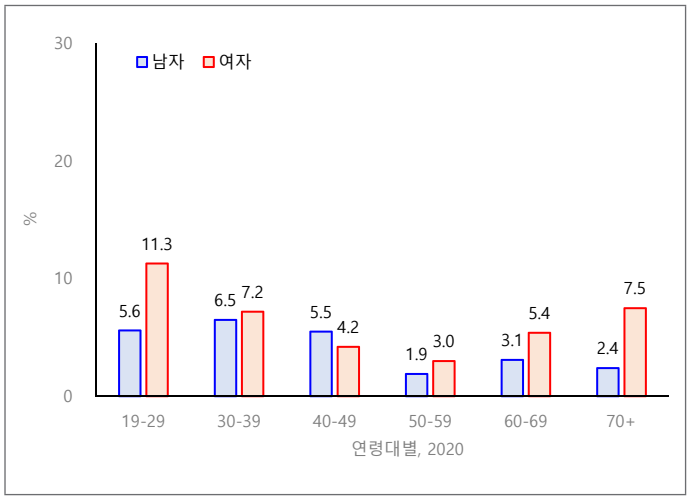


그림 2. 연령대별 우울장애유병률, 2020

* 우울장애유병률 : 우울증선별도구(PHQ-9) 총점 27점 중 10점 이상인 분율, 만 19세 이상

† 그림1의 연도별 지표값은 2005년 추계인구로 연령표준화

출처 : 2020년 국민건강통계, https://knhanes.kdca.go.kr/

작성부서 : 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과

Noncommunicable disease statistics

Trends in prevalence of Depressive Disorder, 2014–2020

The prevalence of depressive disorder among those aged 19 years and over has not changed much among men, slightly decreased among women from 8.8% in 2014 to 6.7% in 2020 (Figure 1). Men in their 30s and women in their 20s had a higher prevalence of depressive disorder than other age groups (Figure 2).

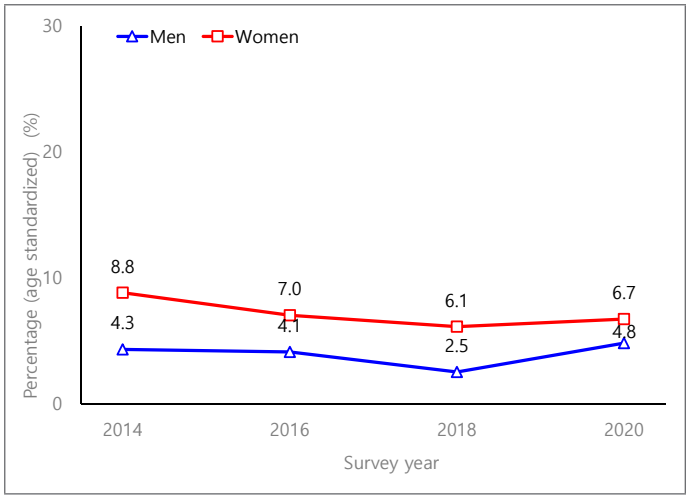


Figure 1. Trends in prevalence of depressive disorder, 2014–2020

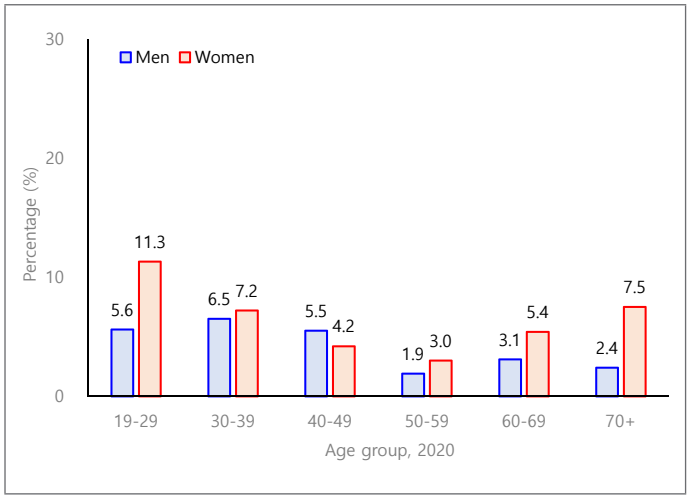


Figure 2. Prevalence of depressive disorder by age group, 2020

* Prevalence of depressive disorder: percentage of 10 or more out of 27 total scores on the Patient Health Questionnaire(PHQ–9), aged 19 years and over.
† The mean in figure 1 was calculated using the direct standardization method based on a 2005 population projection.

Source: Korea Health Statistics 2020, Korea National Health and Nutrition Examination Survey, https://knhanes.kdca.go.kr/
Reported by: Division of Health and Nutrition Survey and Analysis, Korea Disease Control and Prevention Agency

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (8주차)

표 1. 2022년 8주차 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)*

단위 : 보고환자수†

감염병†	금주	2022년 누계	5년간 주별 평균§	연간현황					금주 해외유입현황 : 국가명(신고수)
				2021	2020	2019	2018	2017	
제2급감염병									
결핵	332	2,640	428	18,666	19,933	23,821	26,433	28,161	
수두	89	1,812	888	20,226	31,430	82,868	96,467	80,092	
홍역	0	0	1	0	6	194	15	7	
콜레라	0	0	0	0	0	1	2	5	
장티푸스	0	10	3	62	39	94	213	128	
파라티푸스	1	4	1	44	58	55	47	73	
세균성이질	0	5	2	15	29	151	191	112	
장출혈성대장균감염증	0	4	1	151	270	146	121	138	
A형간염	14	294	99	6,201	3,989	17,598	2,437	4,419	
백일해	2	5	5	24	123	496	980	318	
유행성이하선염	47	730	207	9,388	9,922	15,967	19,237	16,924	
풍진	0	0	0	0	0	8	0	7	
수막구균 감염증	0	0	0	0	5	16	14	17	
폐렴구균 감염증	1	26	10	236	345	526	670	523	
한센병	0	0	0	5	3	4			
성홍열	4	52	198	655	2,300	7,562	15,777	22,838	
반코마이신내성황색 포도알균(VRSA) 감염증	0	0	0	2	9	3	0	0	
카바페넴내성장내세균 속균종(CRE) 감염증	197	2,548	207	19,807	18,113	15,369	11,954	5,717	
E형간염	3	37	–	436	191	–	–	–	
제3급감염병									
파상풍	0	2	0	20	30	31	31	34	
B형간염	5	36	6	413	382	389	392	391	
일본뇌염	0	0	0	12	7	34	17	9	
C형간염	41	943	158	9,564	11,849	9,810	10,811	6,396	
말라리아	0	1	1	279	385	559	576	515	
레지오넬라증	2	31	5	356	368	501	305	198	
비브리오패혈증	0	0	0	54	70	42	47	46	
발진열	1	4	0	34	1	14	16	18	
쯔쯔가무시증	3	136	8	5,532	4,479	4,005	6,668	10,528	
렙토스피라증	0	15	0	209	114	138	118	103	
브루셀라증	0	1	0	8	8	1	5	6	
신증후군출혈열	0	14	3	260	270	399	433	531	
후천성면역결핍증(AIDS)	16	74	18	734	818	1,006	989	1,008	
크로이츠펠트-야콥병(CJD)	0	1	1	71	64	53	53	36	
뎅기열	0	0	2	1	43	273	159	171	
큐열	0	5	2	48	69	162	163	96	
라임병	0	1	0	1	18	23	23	31	
유비저	0	0	0	0	1	8	2	2	
치쿤구니야열	0	0	0	0	1	16	3	5	
중증열성혈소판감소 증후군(SFTS)	0	1	0	164	243	223	259	272	
지카바이러스감염증	0	0	0	0	1	3	3	11	

* 2021년, 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계이며, 2022년 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(2017~2021년)의 해당 주의 신고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 신고 건수(총 25주) 평균임

표 2. 지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	결핵			수두			홍역			콜레라		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	332	2,640	3,595	89	1,812	10,023	0	0	14	0	0	0
서울	52	445	642	21	209	1,107	0	0	2	0	0	0
부산	31	163	254	7	146	506	0	0	1	0	0	0
대구	15	142	175	7	98	518	0	0	2	0	0	0
인천	10	139	197	5	102	535	0	0	1	0	0	0
광주	6	67	91	4	64	463	0	0	0	0	0	0
대전	10	62	81	0	57	250	0	0	0	0	0	0
울산	6	45	68	6	60	232	0	0	0	0	0	0
세종	1	10	13	0	19	98	0	0	7	0	0	0
경기	69	607	776	7	339	2,750	0	0	0	0	0	0
강원	13	119	148	6	57	250	0	0	0	0	0	0
충북	13	87	108	3	83	283	0	0	0	0	0	0
충남	17	137	176	2	97	395	0	0	0	0	0	0
전북	19	110	142	6	101	399	0	0	0	0	0	0
전남	21	130	183	3	84	444	0	0	1	0	0	0
경북	26	196	263	0	91	557	0	0	0	0	0	0
경남	20	154	228	11	159	949	0	0	0	0	0	0
제주	3	27	49	1	46	287	0	0	0	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	장티푸스			파라티푸스			세균성이질			장출혈성대장균감염증		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	10	25	1	4	4	0	5	23	0	4	5
서울	0	3	5	0	0	1	0	0	6	0	0	1
부산	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0
대구	0	0	1	0	0	1	0	0	3	0	0	1
인천	0	0	2	0	0	0	0	2	1	0	0	0
광주	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1
대전	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
울산	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	0	3	5	0	1	1	0	2	5	0	2	1
강원	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
충북	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
충남	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
전북	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
전남	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
경북	0	1	1	0	0	0	0	0	2	0	0	0
경남	0	1	3	0	0	0	0	1	1	0	0	1
제주	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	A형간염			백일해			유행성이하선염			풍진		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	14	294	664	2	5	57	47	730	1,642	0	0	0
서울	3	51	117	0	0	10	8	98	195	0	0	0
부산	1	11	14	0	0	2	3	50	93	0	0	0
대구	0	4	13	0	0	3	2	34	60	0	0	0
인천	3	34	49	0	1	6	5	38	78	0	0	0
광주	2	15	9	0	0	3	4	20	72	0	0	0
대전	0	10	59	2	2	1	1	18	48	0	0	0
울산	0	0	5	0	0	1	3	28	55	0	0	0
세종	0	1	9	0	0	2	0	8	11	0	0	0
경기	0	57	209	0	0	9	1	150	443	0	0	0
강원	0	14	15	0	0	0	3	33	71	0	0	0
충북	1	15	27	0	0	1	1	15	51	0	0	0
충남	1	26	54	0	0	2	1	54	74	0	0	0
전북	2	26	37	0	0	2	3	29	71	0	0	0
전남	0	12	16	0	0	5	3	38	65	0	0	0
경북	0	8	14	0	1	5	0	42	80	0	0	0
경남	1	7	12	0	1	5	8	61	152	0	0	0
제주	0	3	5	0	0	0	1	14	23	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병						제3급감염병					
	수막구균 감염증			성홍열			파상풍			B형간염		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	0	2	4	52	1,662	0	2	0	5	36	53
서울	0	0	0	0	4	227	0	0	0	1	5	9
부산	0	0	0	0	4	132	0	0	0	0	0	3
대구	0	0	0	0	2	48	0	0	0	0	1	2
인천	0	0	0	1	6	80	0	0	0	1	3	2
광주	0	0	0	0	0	83	0	0	0	0	1	1
대전	0	0	0	0	2	58	0	0	0	0	1	2
울산	0	0	0	0	3	70	0	0	0	0	0	1
세종	0	0	0	0	1	8	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	1	1	8	459	0	1	0	0	7	13
강원	0	0	1	0	4	23	0	0	0	1	2	2
충북	0	0	0	0	3	32	0	0	0	0	1	1
충남	0	0	0	1	3	75	0	0	0	0	3	3
전북	0	0	0	0	0	59	0	0	0	1	6	2
전남	0	0	0	1	4	72	0	0	0	1	1	3
경북	0	0	0	0	2	84	0	0	0	0	1	3
경남	0	0	0	0	6	129	0	1	0	0	4	5
제주	0	0	0	0	0	23	0	0	0	0	0	1

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	일본뇌염			말라리아			레지오넬라증			비브리오패혈증		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	0	0	0	1	7	2	31	50	0	0	0
서울	0	0	0	0	0	3	0	2	13	0	0	0
부산	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0
대구	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0
인천	0	0	0	0	0	1	0	3	3	0	0	0
광주	0	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0
대전	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
울산	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	0	0	0	2	0	6	13	0	0	0
강원	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0
충북	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
충남	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
전북	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
전남	0	0	0	0	1	0	0	2	2	0	0	0
경북	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
경남	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	0
제주	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	발진열			쯔쯔가무시증			렙토스피라증			브루셀라증		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	1	4	0	3	136	99	0	15	4	0	1	0
서울	0	0	0	0	4	4	0	0	1	0	0	0
부산	0	0	0	0	9	6	0	1	1	0	0	0
대구	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
인천	1	4	0	0	2	2	0	1	0	0	0	0
광주	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0
대전	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0
울산	0	0	0	0	4	3	0	0	0	0	0	0
세종	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	0	0	2	6	0	4	1	0	0	0
강원	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
충북	0	0	0	0	2	3	0	2	0	0	0	0
충남	0	0	0	0	6	7	0	0	0	0	0	0
전북	0	0	0	0	21	12	0	1	1	0	0	0
전남	0	0	0	1	34	23	0	2	0	0	0	0
경북	0	0	0	0	3	4	0	1	0	0	0	0
경남	0	0	0	2	40	19	0	1	0	0	1	0
제주	0	0	0	0	2	4	0	1	0	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	신증후군출혈열			크로이츠펠트-야콥병(CJD)			뎅기열			큐열		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†	금주	2022년 누계	5년 누계 평균†
전국	0	14	34	0	1	7	0	0	22	0	5	10
서울	0	1	2	0	0	2	0	0	6	0	0	1
부산	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
대구	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
인천	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	1	0
광주	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
대전	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
울산	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
세종	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	0	3	10	0	0	2	0	0	5	0	0	2
강원	0	0	3	0	0	1	0	0	1	0	0	0
충북	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	2
충남	0	0	3	0	0	0	0	0	1	0	1	2
전북	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	1
전남	0	7	4	0	1	0	0	0	1	0	0	1
경북	0	0	4	0	0	1	0	0	1	0	0	0
경남	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1
제주	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. *(계속)* **지역별 보고 현황(2022. 2. 19. 기준)(8주차)***

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병								
	라임병			중증열성혈소판감소증후군(SFTS)			지카바이러스감염증		
	금주	2022년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2022년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2022년 누계	5년 누계 평균‡
전국	0	1	2	0	1	0	0	0	–
서울	0	0	1	0	0	0	0	0	–
부산	0	0	0	0	0	0	0	0	–
대구	0	1	0	0	0	0	0	0	–
인천	0	0	1	0	0	0	0	0	–
광주	0	0	0	0	0	0	0	0	–
대전	0	0	0	0	0	0	0	0	–
울산	0	0	0	0	0	0	0	0	–
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	–
경기	0	0	0	0	0	0	0	0	–
강원	0	0	0	0	1	0	0	0	–
충북	0	0	0	0	0	0	0	0	–
충남	0	0	0	0	0	0	0	0	–
전북	0	0	0	0	0	0	0	0	–
전남	0	0	0	0	0	0	0	0	–
경북	0	0	0	0	0	0	0	0	–
경남	0	0	0	0	0	0	0	0	–
제주	0	0	0	0	0	0	0	0	–

* 2022년 통계는 변동가능한 잠정통계임
† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함
‡ 최근 5년(2017~2021년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (8주차)

1. 인플루엔자 주간 발생 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 3.7명으로 지난주(2.6명) 대비 증가

※ 2021-2022절기 유행기준은 5.8명(/1,000)

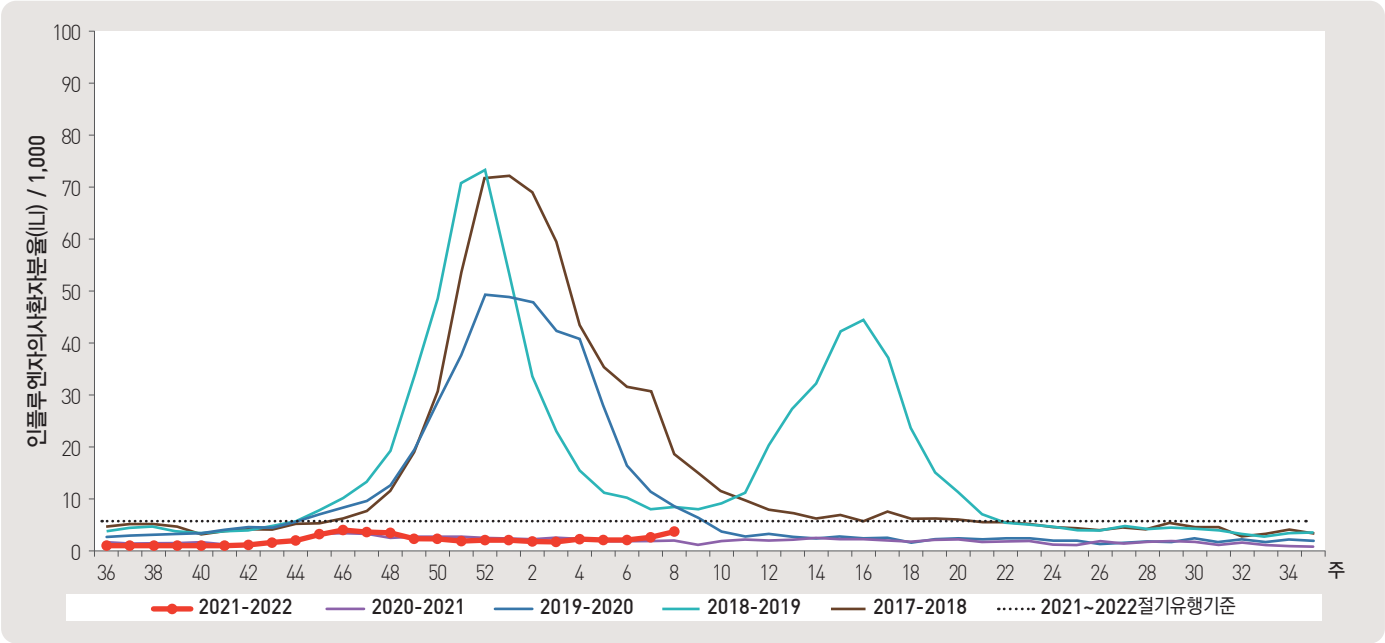


그림 1. 외래 환자 1,000명당 인플루엔자 의사환자 발생 현황

2. 수족구 발생 주간 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주차 수족구병 표본감시(전국 97개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 0.2명으로 전주 0.1명 대비 증가

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

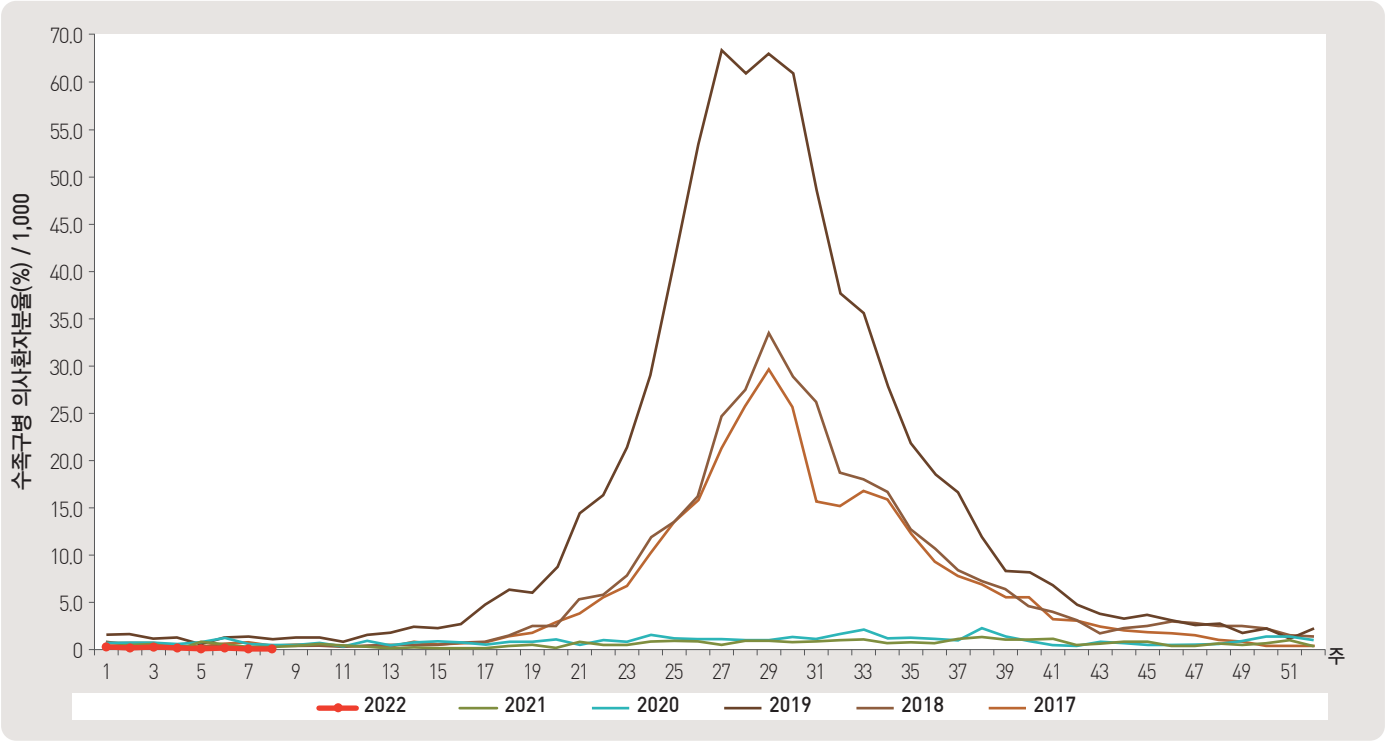


그림 2. 외래 환자 1,000명당 수족구 발생 현황

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

3. 안과 감염병 주간 발생 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주차 유행성각결막염 표본감시(전국 91개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 2.4명으로 전주 1.8명 대비 증가
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.3명으로 전주 0.2명 대비 증가

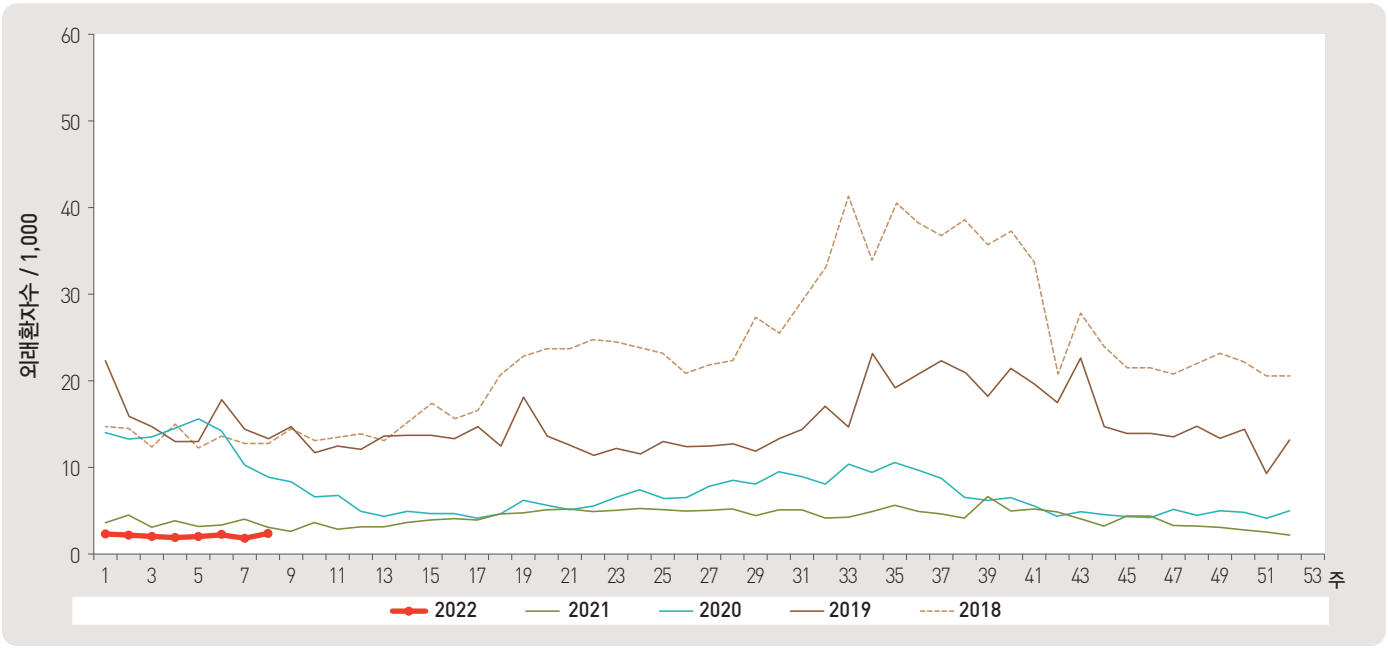


그림 3. 외래 환자 1,000명당 유행성각결막염 발생 현황

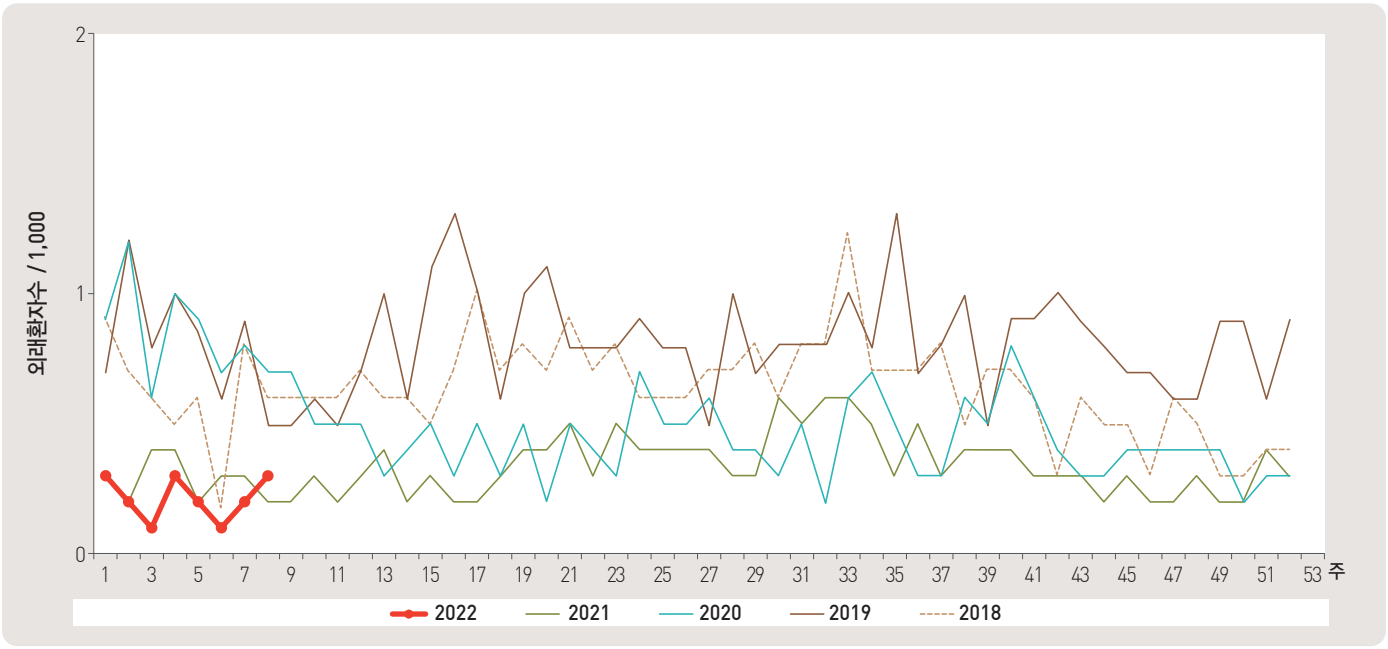


그림 4. 외래 환자 1,000명당 급성출혈성결막염 발생 현황

4. 성매개감염병 주간 발생 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 587개 참여)에서 신고기관 당 사람유두종바이러스 감염증 3.4건, 성기단순포진 3.0건, 클라미디아감염증 2.2건, 첨규콘딜롬 1.8건, 임질 1.0건, 1기 매독 1.0건, 2기 매독 1.0건, 선천성 매독 0.0건을 신고함.

* 제8주차 신고의료기관 수: 임질 5개, 클라미디아감염증 26개, 성기단순포진 27개, 첨규콘딜롬 16개, 사람유두종바이러스 감염증 21개, 1기 매독 3개, 2기 매독 1개, 선천성 매독 0개

단위 : 신고수/신고기관 수

임질			클라미디아 감염증			성기단순포진			첨규콘딜롬		
금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§
1.0	1.6	2.7	2.2	4.4	6.6	3.0	7.3	8.7	1.8	3.8	5.5

사람유두종바이러스감염증			매독								
			1기			2기			선천성		
금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§	금주	2022년 누적	최근 5년 누적 평균§
3.4	14.3	6.3	1.0	1.6	0.5	1.0	1.4	0.6	0.0	1.0	0.4

누계 : 매년 첫 주부터 금주까지의 보고 누계
† 각 질병별로 규정된 신고 범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고 건을 포함
§ 최근 5년(2017~2021년) 누적 평균(Cum. 5-year average) : 최근 5년 1주차부터 금주까지 누적 환자 수 평균

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (8주차)

▣ 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주에 집단발생이 1건(사례수 7명)이 발생하였으며 누적 발생 건수는 36건(사례수 456명)이 발생함.

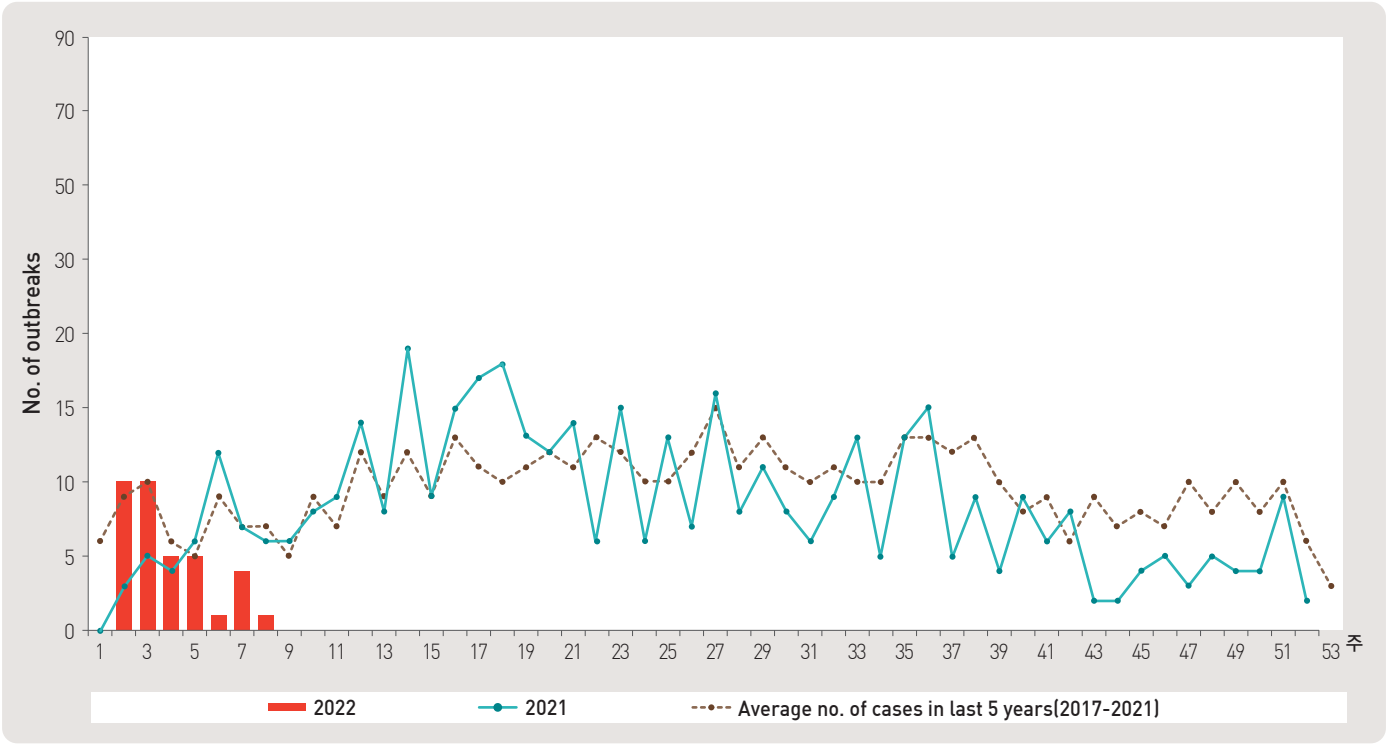


그림 5. 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 현황

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황

1. 인플루엔자 바이러스 주간 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주에 전국 63개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 99건 중 양성 없음.

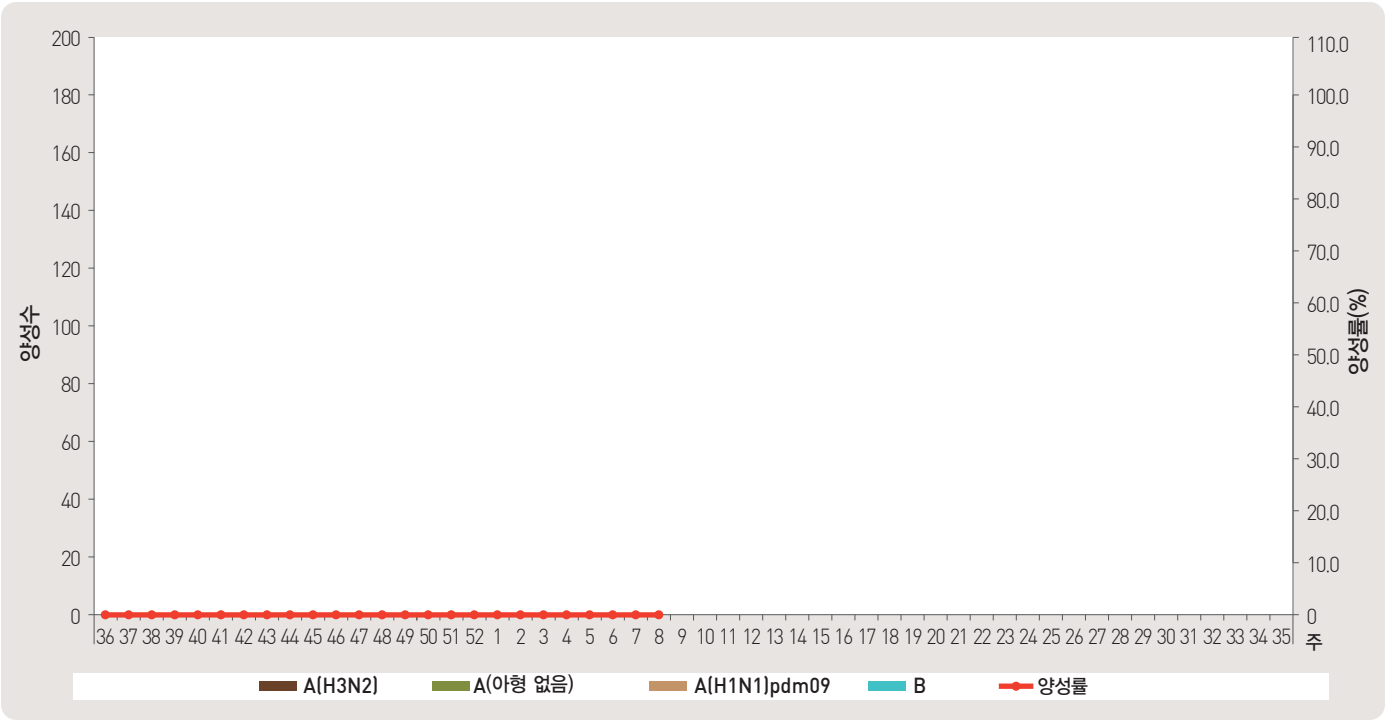


그림 6. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2. 호흡기 바이러스 주간 현황(8주차, 2022. 2. 19. 기준)

- 2022년도 제8주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 63.6%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
  (최근 4주 평균 105개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2022 (주)	주별		검출률 (%)							
	검체 건수	검출률 (%)	아데노 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	인플루엔자 바이러스	코로나 바이러스	리노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스
5	178	87.1	1.7	0.6	65.2	0.0	3.9	8.4	7.3	0.0
6	19	57.9	0.0	0.0	42.1	0.0	5.3	10.5	0.0	0.0
7	125	63.2	0.0	0.0	48.8	0.0	5.6	8.0	0.8	0.0
8	99	63.6	9.1	0.0	31.3	0.0	9.1	11.1	3.0	0.0
4주 누적※	421	73.2	2.9	0.2	51.3	0.0	5.7	9.0	4.0	0.0
2021년 누적∀	4,619	65.1	6.8	12.9	1.9	0.0	0.3	34.1	9.2	0.0

※ 4주 누적 : 2022년 1월 23일 – 2022년 2월 19일 검출률임 (지난 4주간 평균 105개의 검체에서 검출된 수의 평균).
∀ 2021년 누적 : 2020년 12월 27일 – 2021년 12월 25일 검출률임.

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

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 감시 현황 (7주차)

▣ 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 검출 현황(7주차, 2022. 2. 12. 기준)

- 2022년도 제7주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 원인 바이러스 검출 건수는 16건(50.0%), 세균 검출 건수는 8건(6.8%) 이었음.

◆ 급성설사질환 바이러스

주		검체수	검출 건수(검출률, %)					
			노로바이러스	그룹 A 로타바이러스	장내 아데노바이러스	아스트로바이러스	사포바이러스	합계
2022	4	52	12 (23.1)	1 (1.9)	3 (5.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	16 (30.8)
	5	42	12 (28.6)	0 (0.0)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	13 (31.0)
	6	26	6 (23.1)	0 (0.0)	1 (3.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	7 (26.9)
	7	32	10 (31.3)	2 (6.3)	3 (9.4)	1 (3.1)	0 (0.0)	16 (50.0)
2022년 누적		319	60 (18.8)	3 (0.9)	22 (6.9)	8 (2.5)	0 (0.0)	93 (29.2)

* 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
2022	4	159	2 (1.3)	1 (0.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (1.9)	7 (4.4)	5 (3.1)	18 (11.3)
	5	118	1 (0.8)	2 (1.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.8)	3 (2.5)	2 (1.7)	9 (7.6)
	6	99	3 (3.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (1.0)	2 (2.0)	3 (3.0)	0 (0.0)	9 (9.1)
	7	117	0 (0.0)	1 (0.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (3.4)	3 (2.6)	0 (0.0)	8 (6.8)
2022년 누적		946	11 (1.2)	7 (0.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (0.5)	21 (2.2)	29 (3.1)	12 (1.3)	86 (9.1)

* 2022년 실험실 감시체계 참여기관(69개 의료기관)

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

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 주간 감시 현황 (7주차)

▣ 엔테로바이러스 주간 검출 현황(7주차, 2022. 2. 12. 기준)

- 2022년도 제7주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원, 전국 62개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 0.0%(0건 양성/6검체), 2022년 누적 양성률 0.0%(0건 양성/42검체)임.
  - 무균성수막염 0건(2022년 누적 0건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2022년 누적 0건), 합병증 동반 수족구 0건(2022년 누적 0건), 기타 0건(2022년 누적 0건)임.

◆ 무균성수막염

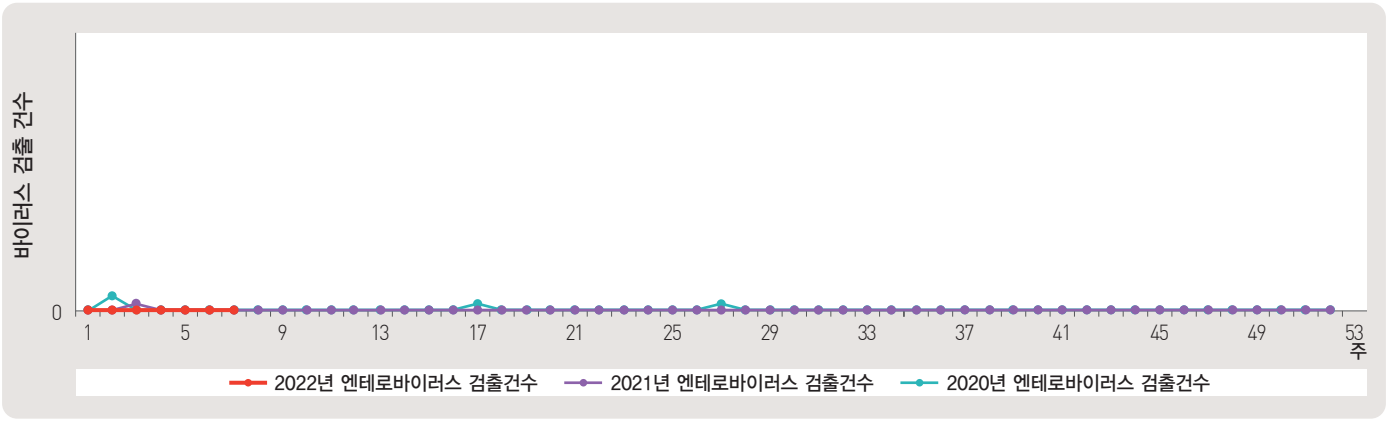


그림 7. 무균성수막염 바이러스 검출수

◆ 수족구병 및 포진성구협염

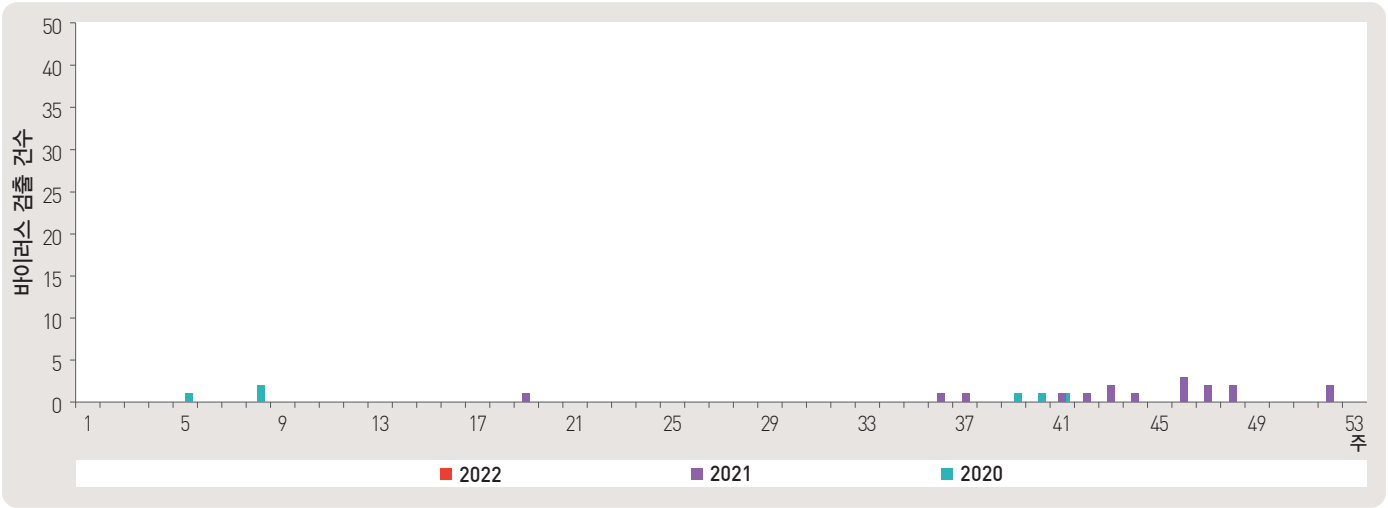


그림 8. 수족구 및 포진성구협염 바이러스 검출수

◆ 합병증 동반 수족구

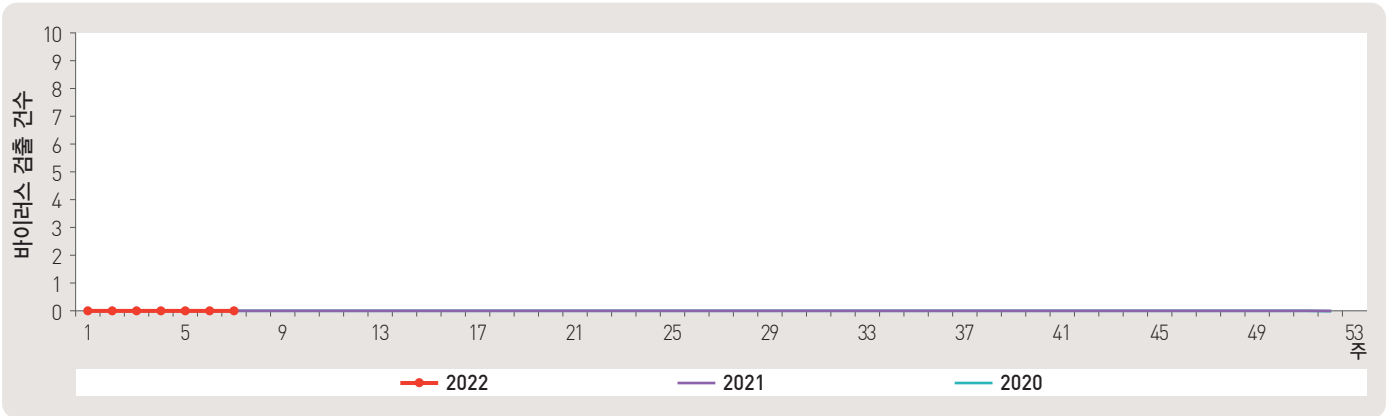


그림 9. 합병증 동반 수족구 바이러스 검출수

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

주요 통계 이해하기

〈통계표 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2022년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 금주 환자 수(Current week)는 2022년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 2022년 누계 환자수(Cum. 2022)는 2022년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 지난 5년(2017-2021년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 25주) 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) 2022년 12주의 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 2017년부터 2021년의 10주부터 14주까지의 신고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

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

	10주	11주	12주	13주	14주
2022년			해당 주		
2021년	X1	X2	X3	X4	X5
2020년	X6	X7	X8	X9	X10
2019년	X11	X12	X13	X14	X15
2018년	X16	X17	X18	X19	X20
2017년	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 2022년 누계 환자수(Cum, 2022)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(2017-2021년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다.

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

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Classification of disease†	Current week	Cum. 2022	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
				2021	2020	2019	2018	2017	
Category Ⅱ									
Tuberculosis	332	2,640	428	18,666	19,933	23,821	26,433	28,161	
Varicella	89	1,812	888	20,226	31,430	82,868	96,467	80,092	
Measles	0	0	1	0	6	194	15	7	
Cholera	0	0	0	0	0	1	2	5	
Typhoid fever	0	10	3	62	39	94	213	128	
Paratyphoid fever	1	4	1	44	58	55	47	73	
Shigellosis	0	5	2	15	29	151	191	112	
EHEC	0	4	1	151	270	146	121	138	
Viral hepatitis A	14	294	99	6,201	3,989	17,598	2,437	4,419	
Pertussis	2	5	5	24	123	496	980	318	
Mumps	47	730	207	9,388	9,922	15,967	19,237	16,924	
Rubella	0	0	0	0	0	8	0	7	
Meningococcal disease	0	0	0	0	5	16	14	17	
Pneumococcal disease	1	26	10	236	345	526	670	523	
Hansen's disease	0	0	0	5	3	4			
Scarlet fever	4	52	198	655	2,300	7,562	15,777	22,838	
VRSA	0	0	0	2	9	3	0	0	
CRE	197	2,548	207	19,807	18,113	15,369	11,954	5,717	
Viral hepatitis E	3	37	–	436	191	–	–	–	
Category Ⅲ									
Tetanus	0	2	0	20	30	31	31	34	
Viral hepatitis B	5	36	6	413	382	389	392	391	
Japanese encephalitis	0	0	0	12	7	34	17	9	
Viral hepatitis C	41	943	158	9,564	11,849	9,810	10,811	6,396	
Malaria	0	1	1	279	385	559	576	515	
Legionellosis	2	31	5	356	368	501	305	198	
Vibrio vulnificus sepsis	0	0	0	54	70	42	47	46	
Murine typhus	1	4	0	34	1	14	16	18	
Scrub typhus	3	136	8	5,532	4,479	4,005	6,668	10,528	
Leptospirosis	0	15	0	209	114	138	118	103	
Brucellosis	0	1	0	8	8	1	5	6	
HFRS	0	14	3	260	270	399	433	531	
HIV/AIDS	16	74	18	734	818	1,006	989	1,008	
CJD	0	1	1	71	64	53	53	36	
Dengue fever	0	0	2	1	43	273	159	171	
Q fever	0	5	2	48	69	162	163	96	
Lyme Borreliosis	0	1	0	1	18	23	23	31	
Melioidosis	0	0	0	0	1	8	2	2	
Chikungunya fever	0	0	0	0	1	16	3	5	
SFTS	0	1	0	164	243	223	259	272	
Zika virus infection	0	0	0	0	1	3	3	11	

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 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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 February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Tuberculosis			Varicella			Measles			Cholera		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	332	2,640	3,595	89	1,812	10,023	0	0	14	0	0	0
Seoul	52	445	642	21	209	1,107	0	0	2	0	0	0
Busan	31	163	254	7	146	506	0	0	1	0	0	0
Daegu	15	142	175	7	98	518	0	0	2	0	0	0
Incheon	10	139	197	5	102	535	0	0	1	0	0	0
Gwangju	6	67	91	4	64	463	0	0	0	0	0	0
Daejeon	10	62	81	0	57	250	0	0	0	0	0	0
Ulsan	6	45	68	6	60	232	0	0	0	0	0	0
Sejong	1	10	13	0	19	98	0	0	7	0	0	0
Gyonggi	69	607	776	7	339	2,750	0	0	0	0	0	0
Gangwon	13	119	148	6	57	250	0	0	0	0	0	0
Chungbuk	13	87	108	3	83	283	0	0	0	0	0	0
Chungnam	17	137	176	2	97	395	0	0	0	0	0	0
Jeonbuk	19	110	142	6	101	399	0	0	0	0	0	0
Jeonnam	21	130	183	3	84	444	0	0	1	0	0	0
Gyeongbuk	26	196	263	0	91	557	0	0	0	0	0	0
Gyeongnam	20	154	228	11	159	949	0	0	0	0	0	0
Jeju	3	27	49	1	46	287	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic *Escherichia coli*		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	0	10	25	1	4	4	0	5	23	0	4	5
Seoul	0	3	5	0	0	1	0	0	6	0	0	1
Busan	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Daegu	0	0	1	0	0	1	0	0	3	0	0	1
Incheon	0	0	2	0	0	0	0	2	1	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1
Daejeon	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ulsan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	3	5	0	1	1	0	2	5	0	2	1
Gangwon	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chungbuk	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chungnam	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jeonbuk	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Jeonnam	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Gyeongbuk	0	1	1	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Gyeongnam	0	1	3	0	0	0	0	1	1	0	0	1
Jeju	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category II											
	Viral hepatitis A			Pertussis			Mumps			Rubella		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	14	294	664	2	5	57	47	730	1,642	0	0	0
Seoul	3	51	117	0	0	10	8	98	195	0	0	0
Busan	1	11	14	0	0	2	3	50	93	0	0	0
Daegu	0	4	13	0	0	3	2	34	60	0	0	0
Incheon	3	34	49	0	1	6	5	38	78	0	0	0
Gwangju	2	15	9	0	0	3	4	20	72	0	0	0
Daejeon	0	10	59	2	2	1	1	18	48	0	0	0
Ulsan	0	0	5	0	0	1	3	28	55	0	0	0
Sejong	0	1	9	0	0	2	0	8	11	0	0	0
Gyonggi	0	57	209	0	0	9	1	150	443	0	0	0
Gangwon	0	14	15	0	0	0	3	33	71	0	0	0
Chungbuk	1	15	27	0	0	1	1	15	51	0	0	0
Chungnam	1	26	54	0	0	2	1	54	74	0	0	0
Jeonbuk	2	26	37	0	0	2	3	29	71	0	0	0
Jeonnam	0	12	16	0	0	5	3	38	65	0	0	0
Gyeongbuk	0	8	14	0	1	5	0	42	80	0	0	0
Gyeongnam	1	7	12	0	1	5	8	61	152	0	0	0
Jeju	0	3	5	0	0	0	1	14	23	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th 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. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	0	0	2	4	52	1,662	0	2	0	5	36	53
Seoul	0	0	0	0	4	227	0	0	0	1	5	9
Busan	0	0	0	0	4	132	0	0	0	0	0	3
Daegu	0	0	0	0	2	48	0	0	0	0	1	2
Incheon	0	0	0	1	6	80	0	0	0	1	3	2
Gwangju	0	0	0	0	0	83	0	0	0	0	1	1
Daejeon	0	0	0	0	2	58	0	0	0	0	1	2
Ulsan	0	0	0	0	3	70	0	0	0	0	0	1
Sejong	0	0	0	0	1	8	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	0	1	1	8	459	0	1	0	0	7	13
Gangwon	0	0	1	0	4	23	0	0	0	1	2	2
Chungbuk	0	0	0	0	3	32	0	0	0	0	1	1
Chungnam	0	0	0	1	3	75	0	0	0	0	3	3
Jeonbuk	0	0	0	0	0	59	0	0	0	1	6	2
Jeonnam	0	0	0	1	4	72	0	0	0	1	1	3
Gyeongbuk	0	0	0	0	2	84	0	0	0	0	1	3
Gyeongnam	0	0	0	0	6	129	0	1	0	0	4	5
Jeju	0	0	0	0	0	23	0	0	0	0	0	1

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Japanese encephalitis			Malaria			Legionellosis			*Vibrio vulnificus* sepsis		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	0	0	0	0	1	7	2	31	50	0	0	0
Seoul	0	0	0	0	0	3	0	2	13	0	0	0
Busan	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0
Incheon	0	0	0	0	0	1	0	3	3	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	0	0	0	0	2	0	6	13	0	0	0
Gangwon	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Chungnam	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Jeonnam	0	0	0	0	1	0	0	2	2	0	0	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	0
Jeju	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ											
	Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	1	4	0	3	136	99	0	15	4	0	1	0
Seoul	0	0	0	0	4	4	0	0	1	0	0	0
Busan	0	0	0	0	9	6	0	1	1	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Incheon	1	4	0	0	2	2	0	1	0	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	4	3	0	0	0	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	0	0	0	2	6	0	4	1	0	0	0
Gangwon	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	2	3	0	2	0	0	0	0
Chungnam	0	0	0	0	6	7	0	0	0	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	0	21	12	0	1	1	0	0	0
Jeonnam	0	0	0	1	34	23	0	2	0	0	0	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	3	4	0	1	0	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	2	40	19	0	1	0	0	1	0
Jeju	0	0	0	0	2	4	0	1	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th 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. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	0	14	34	0	1	7	0	0	22	0	5	10
Seoul	0	1	2	0	0	2	0	0	6	0	0	1
Busan	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Incheon	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	1	0
Gwangju	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ulsan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Sejong	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyonggi	0	3	10	0	0	2	0	0	5	0	0	2
Gangwon	0	0	3	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Chungbuk	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	2
Chungnam	0	0	3	0	0	0	0	0	1	0	1	2
Jeonbuk	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jeonnam	0	7	4	0	1	0	0	0	1	0	0	1
Gyeongbuk	0	0	4	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Gyeongnam	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1
Jeju	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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, week ending February 19, 2022 (8th week)*

Unit: No. of cases†

Reporting area	Diseases of Category Ⅲ								
	Lyme Borreliosis			Severe fever with thrombocytopenia syndrome			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
Overall	0	1	2	0	1	0	0	0	–
Seoul	0	0	1	0	0	0	0	0	–
Busan	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Daegu	0	1	0	0	0	0	0	0	–
Incheon	0	0	1	0	0	0	0	0	–
Gwangju	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Daejeon	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Ulsan	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Gyonggi	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Gangwon	0	0	0	0	1	0	0	0	–
Chungbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Chungnam	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Jeonbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Jeonnam	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Gyeongbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Gyeongnam	0	0	0	0	0	0	0	0	–
Jeju	0	0	0	0	0	0	0	0	–

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

* The reported data for year 2021, 2022 are provisional but the data from 2017 to 2020 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 February 19, 2022 (8th week)

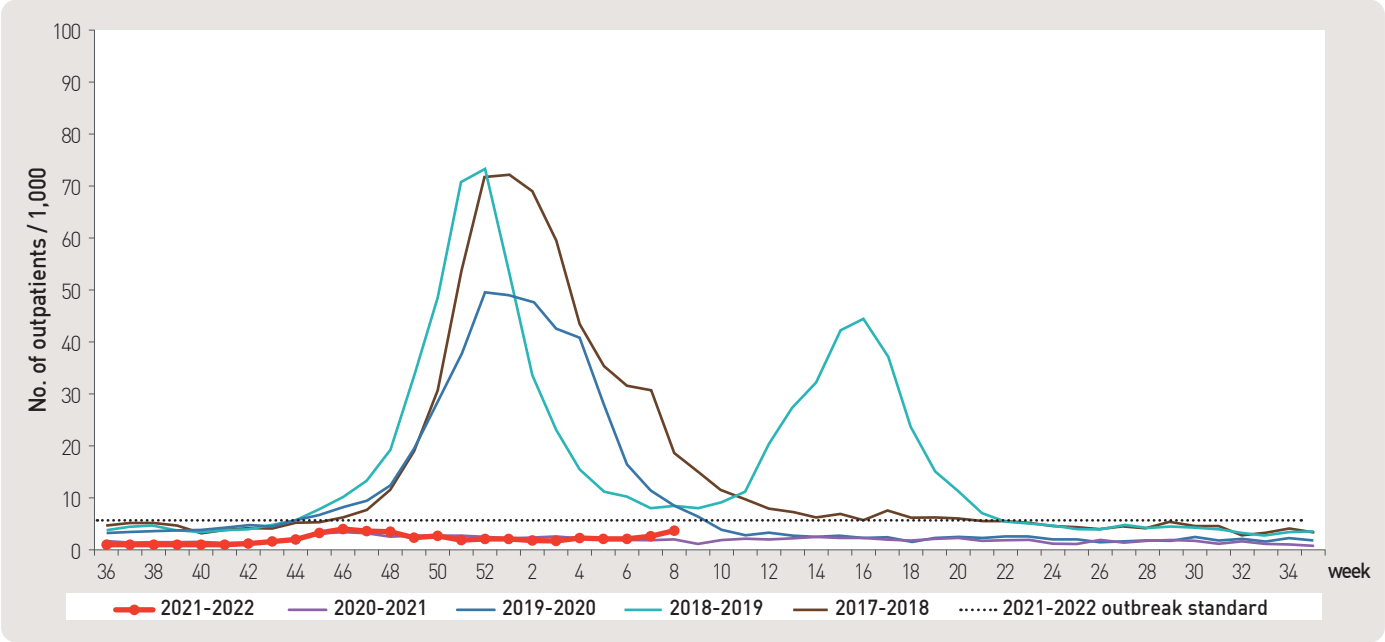


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2017-2018 to 2021-2022 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease (HFMD), Republic of Korea, weeks ending February 19, 2022 (8th week)

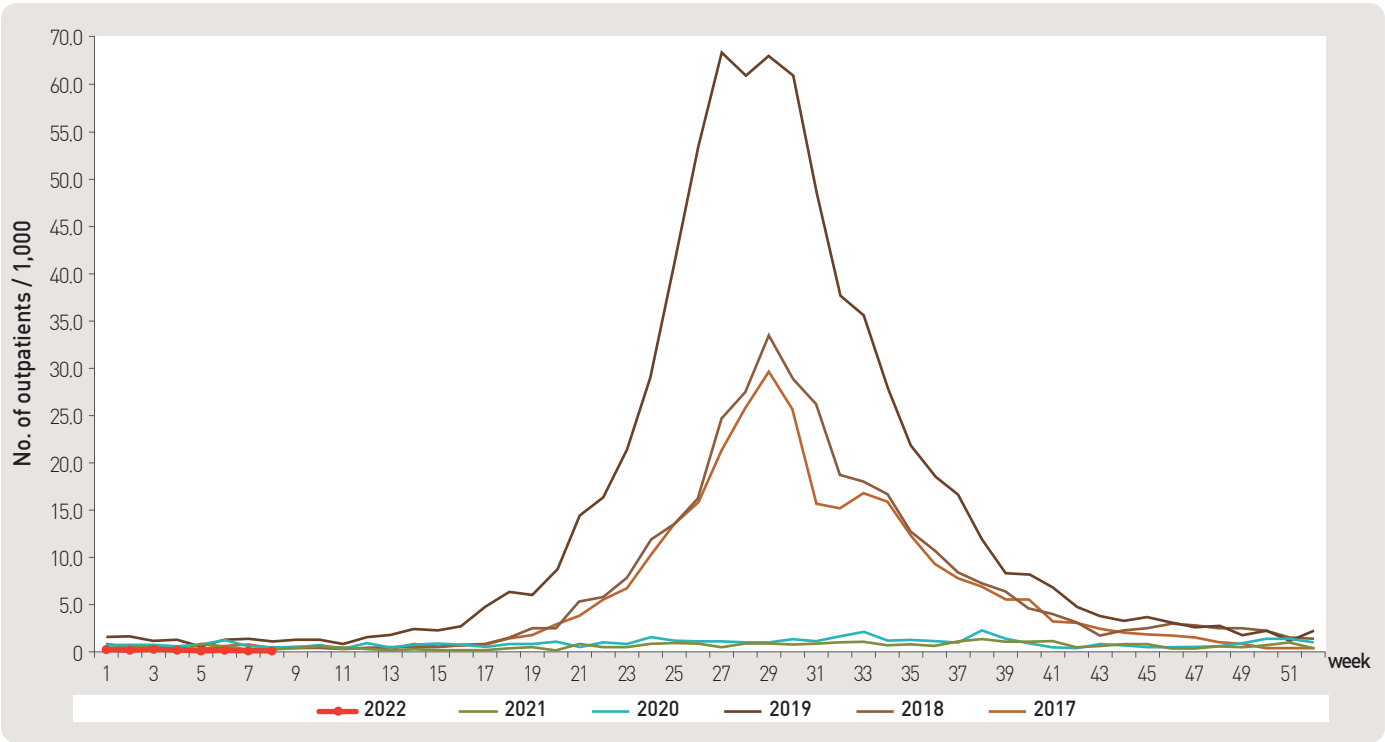


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2017-2022

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending February 19, 2022 (8th week)

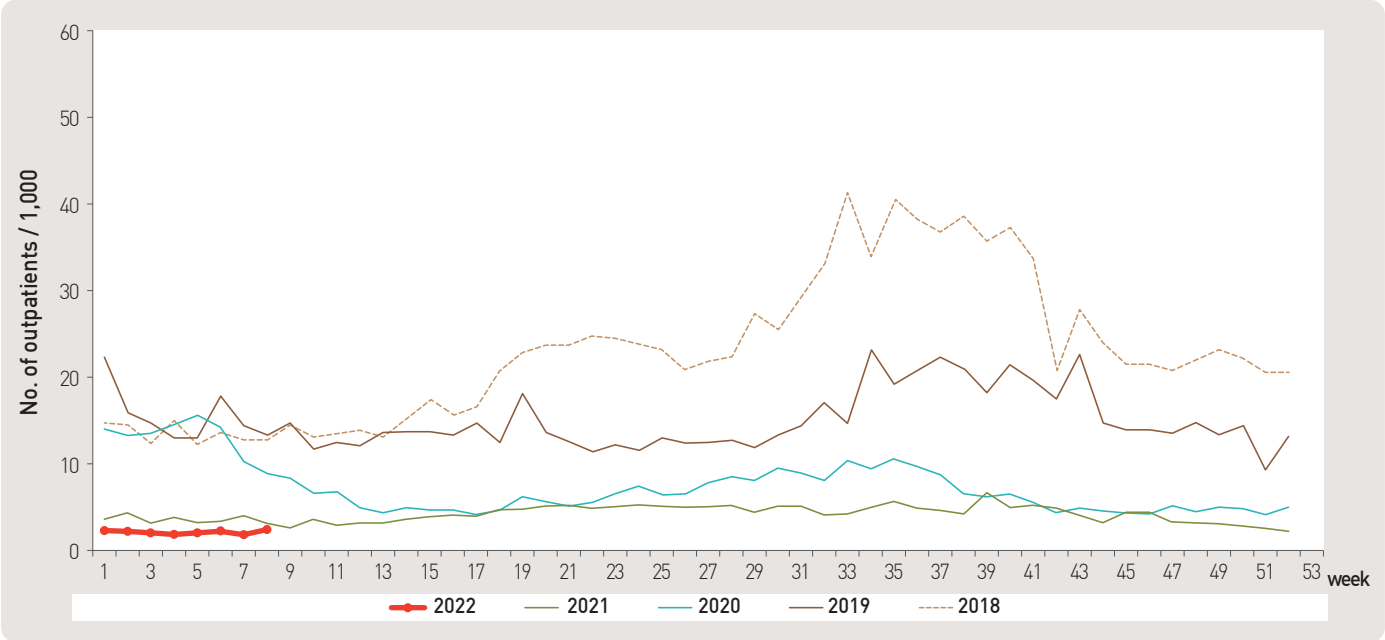


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

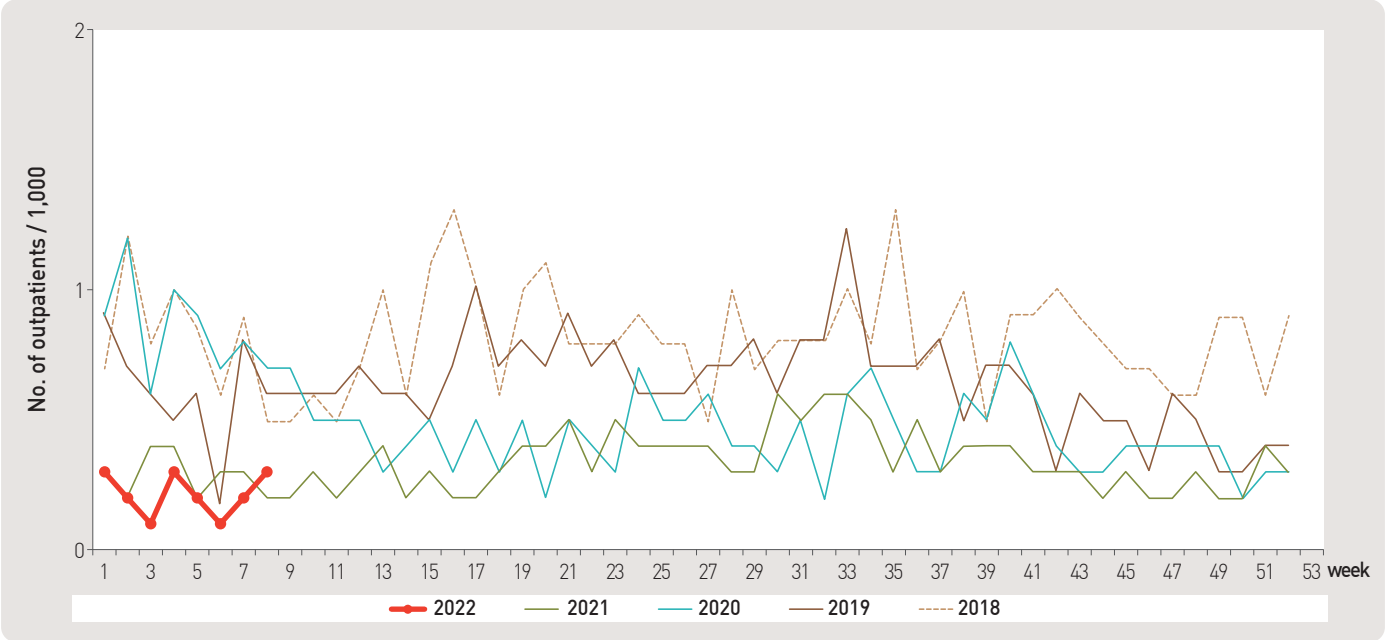


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases†, Republic of Korea, weeks ending February 19, 2022 (8th week)

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
1.0	1.6	2.7	2.2	4.4	6.6	3.0	7.3	8.7	1.8	3.8	5.5

Human Papilloma virus infection			Syphilis								
			Primary			Secondary			Congenital		
Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2022	Cum. 5-year average§
3.4	14.3	6.3	1.0	1.6	0.5	1.0	1.4	0.6	0.0	1.0	0.4

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 February 19, 2022 (8th week)

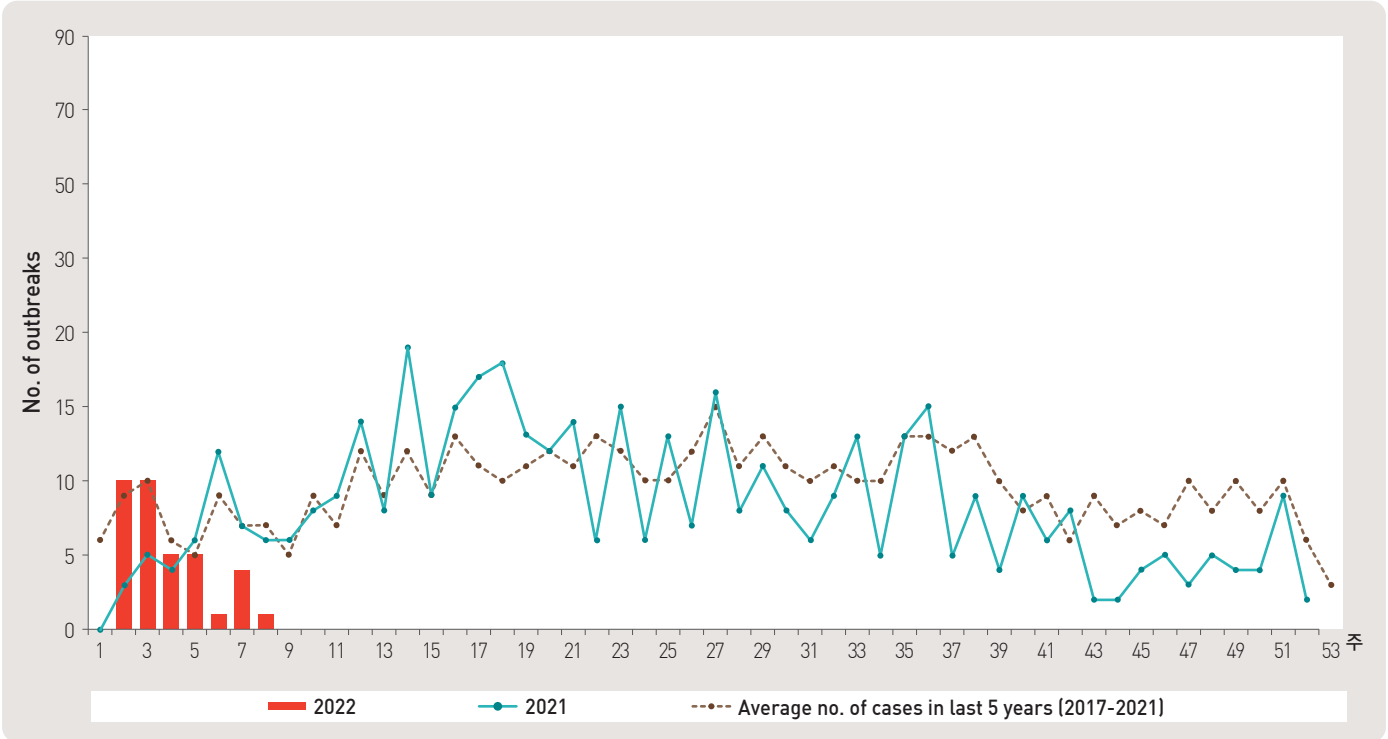


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2021–2022

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending February 19, 2022 (8th week)

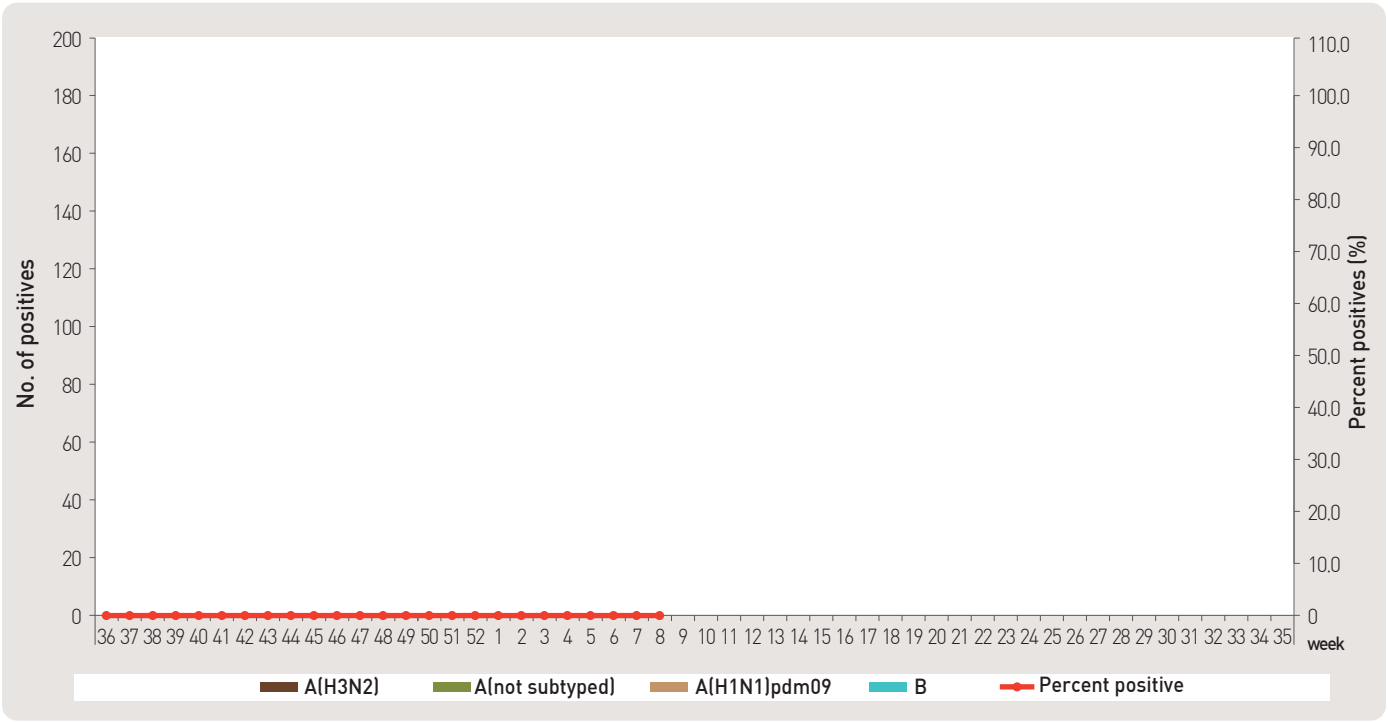


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2021–2022 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending Febuary 19, 2022 (8th week)

2022 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
5	178	87.1	1.7	0.6	65.2	0.0	3.9	8.4	7.3	0.0
6	19	57.9	0.0	0.0	42.1	0.0	5.3	10.5	0.0	0.0
7	125	63.2	0.0	0.0	48.8	0.0	5.6	8.0	0.8	0.0
8	99	63.6	9.1	0.0	31.3	0.0	9.1	11.1	3.0	0.0
Cum.※	421	73.2	2.9	0.2	51.3	0.0	5.7	9.0	4.0	0.0
2021 Cum.∀	4,619	65.1	6.8	12.9	1.9	0.0	0.3	34.1	9.2	0.0

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

※ Cum. : the rate of detected cases between January 23, 2022 - February 19, 2022 (Average No. of detected cases is 105 last 4 weeks)

∀ 2021 Cum. : the rate of detected cases between December 27, 2020 - December 25, 2021

▣ Acute gastroenteritis-causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending February 12, 2022 (7th week)

◆ Acute gastroenteritis-causing viruses

Week		No. of sample	No. of detection (Detection rate, %)					
			Norovirus	Group A Rotavirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Sapovirus	Total
2022	4	52	12 (23.1)	1 (1.9)	3 (5.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	16 (30.8)
	5	42	12 (28.6)	0 (0.0)	1 (2.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	13 (31.0)
	6	26	6 (23.1)	0 (0.0)	1 (3.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	7 (26.9)
	7	32	10 (31.3)	2 (6.3)	3 (9.4)	1 (3.1)	0 (0.0)	16 (50.0)
2022 Cum.		319	60 (18.8)	3 (0.9)	22 (6.9)	8 (2.5)	0 (0.0)	93 (29.2)

* 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
2022	4	159	2 (1.3)	1 (0.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (1.9)	7 (4.4)	5 (3.1)	18 (11.3)
	5	118	1 (0.8)	2 (1.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.8)	3 (2.5)	2 (1.7)	9 (7.6)
	6	99	3 (3.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (1.0)	2 (2.0)	3 (3.0)	0 (0.0)	9 (9.1)
	7	117	0 (0.0)	1 (0.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	4 (3.4)	3 (2.6)	0 (0.0)	8 (6.8)
2022 Cum.		946	11 (1.2)	7 (0.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (0.5)	21 (2.2)	29 (3.1)	12 (1.3)	86 (9.1)

* 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 2022 (69 hospitals)

▣ Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending February 12, 2022 (7th week)

◆ Aseptic meningitis

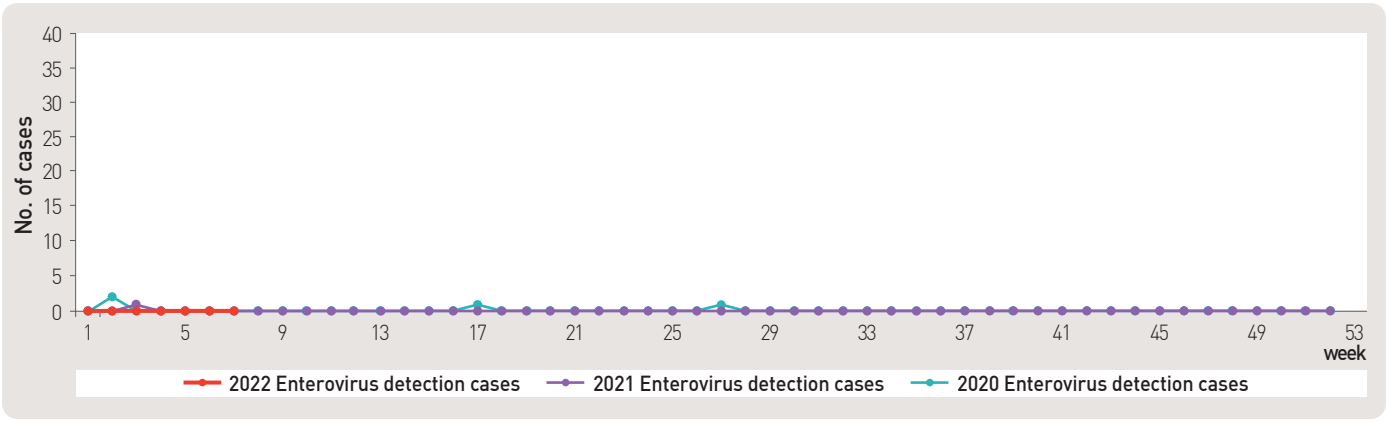


Figure 7. Detection case of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2020 to 2022

◆ HFMD and Herpangina

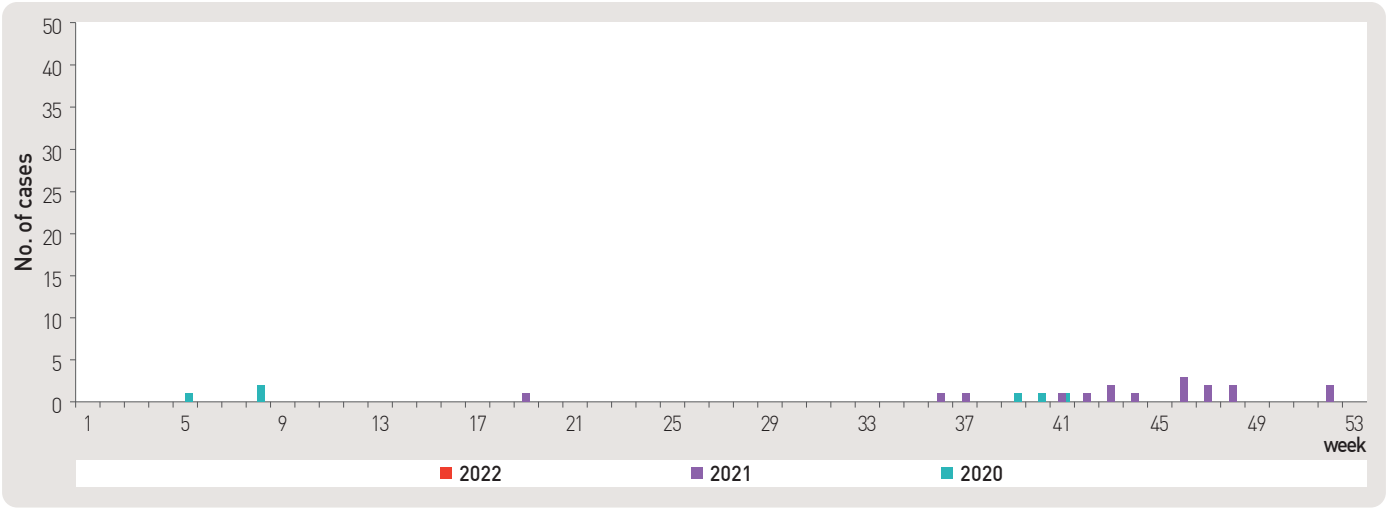


Figure 8. Detection case of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2020 to 2022

◆ HFMD with Complications

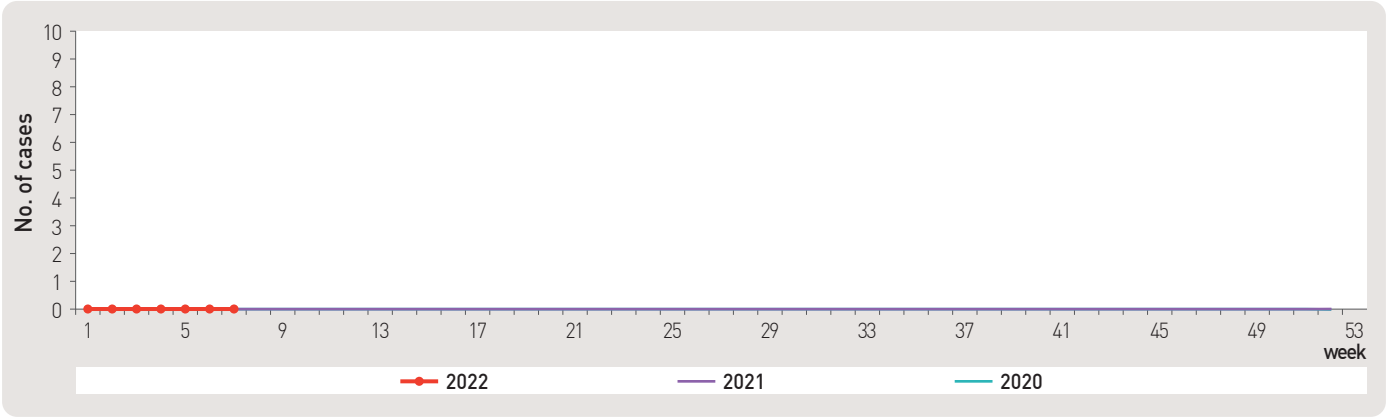


Figure 9. Detection case of enterovirus in HFMD with complications patients from 2020 to 2022

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. 2022 – 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
2022			Current week		
2021	**X1**	**X2**	**X3**	**X4**	**X5**
2020	**X6**	X7	X8	X9	X10
2019	**X11**	X12	X13	X14	X15
2018	**X16**	X17	X18	X19	X20
2017	**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. 2022 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

편집위원회

편집위원 : 김동현 한림대학교 의과대학
김수영 한림대학교 의과대학
김중곤 서울의료원
류소연 조선대학교 의과대학
송경준 서울특별시 보라매병원
신다연 인하대학교 자연과학대학
엄중식 가천대학교 의과대학
염준섭 연세대학고 의과대학
오주환 서울대학교 의과대학
유　영 고려대학교 의과대학
이경주 고려대학교 의과대학
이선희 부산대학교 의과대학
이재갑 한림대학교 의과대학
이혁민 연세대학교 의과대학
정은옥 건국대학교 이과대학
정재훈 가천대학교 의과대학
최선화 국가수리과학연구소
최원석 고려대학교 의과대학
최은화 서울대학교 의과대학
하미나 단국대학교 의과대학
허미나 건국대학교 의과대학
곽　진 질병관리청
권동혁 질병관리청
김원호 국립보건연구원
박영준 질병관리청
오경원 질병관리청
김윤아 질병관리청
이동한　경남권질병대응센터

사 무 국 : 김청식 질병관리청
안은숙 질병관리청
이희재 질병관리청

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 확인될 경우 수정될 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, 2958, 2959

창 간 : 2008년 4월 4일
발 행 : 2022년 2월 24일
발 행 인 : 정은경
발 행 처 : 질병관리청
사 무 국 : 질병관리청 건강위해대응관 미래질병대비과

(28159) 충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운
TEL. (043) 219-2955, 2958, 2959 FAX. (043) 219-2969