

주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, PHWR

Vol. 14, No. 13, 2021

CONTENTS

역학 · 관리보고서

0724 국내 코로나19 변이 바이러스의 감시 현황

0734 국내 코로나19 주요 변이 바이러스 환자의 임상 · 역학적 특성

0742 국내 코로나19 변이 바이러스로 인한 집단발병 사례 보고

감염병 통계

0749 환자감시 : 전수감시, 표본감시

병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스
급성설사질환, 엔테로바이러스



국내 코로나19 변이 바이러스의 감시 현황

질병관리청 감염병진단분석국 신종병원체분석과 김일환, 박애경, 김정민, 김희만, 이남주, 우상희, 이채영, 이재희, 이지은, 김은진*

*교신저자 : ekim@korea.kr, 043-719-8140

초 록

최근 영국, 남아프리카공화국, 브라질 등에서 유래한 코로나바이러스감염증-19(코로나19, COVID-19) 변이 바이러스가 전 세계에 확산되고 있으며, 전파력과 면역효과 등에서 기존 바이러스와는 차이를 나타내는 것으로 보고되고 있다. 이에 WHO는 변이 바이러스에 대한 공중보건학적인 조치를 권장하며 주요 변이 바이러스(Variant of Concern, VOC)와 기타 변이 바이러스(Variant of Interest, VOI)에 대한 정의를 발표하였다.

질병관리청은 2020년 1월 코로나19 발생 이후부터 현재까지 전장유전체 분석 등을 통해 코로나19 바이러스의 유전형과 변이 여부 등을 지속적으로 감시하고 있다. 그 결과 2020년 12월 이후 국내 유입된 영국(138건), 남아공(18건), 브라질(6건) 유래의 주요 변이 바이러스 162건과 미국 캘리포니아(55건), 뉴욕(3건), 영국/나이지리아(3건)에서 유래한 기타 변이 바이러스 61건 등을 조기에 확인할 수 있었고, 감시를 통해 확인된 바이러스 유전자 정보의 GISAID 데이터베이스 공유를 통해 국제적인 협력에도 적극 참여하였다. 계속 확산되는 변이 바이러스에 대응하기 위해 질병관리청은 분석역량 확대를 통한 감시체계 강화를 지속적으로 추진하고 있다. 본 보고서는 국내외에서 발생하는 변이 바이러스에 대한 특성 정보와 국내 감시 현황을 제공함으로써, 변이 바이러스의 확산 방지를 위한 대책 수립에 도움을 주고자 한다.

주요 검색어 : 코로나바이러스감염증-19, 변이 바이러스, 전장유전체 분석

들어가는 말

2019년 12월 중국 우한에서 발생한 원인불명 폐렴의 원인이 코로나바이러스감염증-19(코로나19, COVID-19)에 의한 것으로 밝혀졌다. 코로나19는 전 세계로 확산되어 3월 1일 현재 약 1억 14백만 명이 감염되었고, 약 250만 명의 사망자가 발생하였다. 코로나19의 원인병원체인 코로나19 바이러스(Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, SARS-CoV-2)는 RNA 바이러스로 증식이 일어나고 전파가 이루어지는 과정에서 새로운 변이가 지속적으로 발생한다. 대부분의 변이는 바이러스의 생존에 불리하거나 특성에 영향을 주지 않는 부위에 나타나기 때문에 금방 사라지거나 큰 변화를 나타내지 않지만, 어떤 변이는 증식을 위한 전파력 증가에 기여하거나 병원성이 바뀌는 등 바이러스의 특성이

변하는 상황을 일으키기도 한다.

코로나19 바이러스의 전파 및 발생과 유행이 지속되며 최근 영국 및 남아프리카공화국 등에서 유래한 다양한 변이 바이러스가 여러 나라로 확산되고 있고, 국내에서도 해외 입국자 등을 통해 변이 바이러스가 확인되고 있다. 변이 바이러스는 유전자 분석을 통해 확인이 가능한데, 최근 전장유전체 분석(Whole Genome Sequencing)이 활성화되며 web 상의 Global Initiative on Sharing All Influenza(GISAID) 데이터베이스(DB) 및 PANGO Lineages site 등을 통해 변이 바이러스와 관련한 다양한 유전적 정보가 전 세계적으로 공유되고 있다[1,2]. GISAID는 코로나19 바이러스 유전자를 clade 등으로 정의 및 분류하고, 각 국에서 등록한 코로나19 바이러스 유전자 정보를 공유한다. PANGO Lineages는 PANGOLIN (Phylogenetic Assignment Of Named Global Outbreak lineages)

프로그램을 기반으로 SARS-CoV-2 계통을 명명(영국 유래 변이 바이러스: B.1.1.7, 남아공 유래 변이 바이러스: B.1.351 등)하여 유전자 기반 역학 감시 및 발병 조사를 위한 정보를 제공한다.

질병관리청도 해외유입 확진자 및 국내 집단발생 사례 등을 대상으로 전장유전체 분석 등을 활용하여 코로나19 바이러스의 유전자 특성을 분석하고, 국내 변이 바이러스 유입 여부를 모니터링하고 있으며, 확보한 바이러스의 염기서열 정보는 GISAID를 통해 국제적으로 공유하고 있다.

본 보고서에서는 코로나19 변이 바이러스의 동향 및 특성과 함께 질병관리청에서 유전자 분석을 기반으로 수행한 국내 코로나19 변이 바이러스 감시 결과를 제시하고자 한다.

몸 말

1. WHO 등의 변이 바이러스 분류

2021년 2월 25일 WHO는 변이 바이러스에 대한 공중보건학적인 조치를 권장하기 위해 주요 변이 바이러스(Variant of Concern, VOC)와 기타 변이 바이러스(Variant of Interest, VOI)에 대한 정의를 제안하였다[3].

가. 주요 변이 바이러스(VOC)

① 전파력 증가 혹은 역학적 부정적 변화가 확인되는 경우, 그리고 ② 병원성 증가 혹은 임상적 질환 중증도 변화가 있는 경우, 또는 ③ 진단, 백신, 치료제 등의 유효성 저하 확인 또는 WHO는 연구그룹(SARSCoV-2 Virus Evolution Working Group)과 협의를 통해 VOC로 지정되는 경우, 해당 변이 바이러스를 VOC로 정의한다. VOC에 대해 WHO는 연구그룹을 통한 실험실 연구를 조율하고, 신속한 위험도 평가, 회원국 간 관련 정보 소통, 가이드라인 개정 등을 수행한다.

나. 기타 변이 바이러스(VOI)

① 기존 표준주 대비 다른 형질을 보이거나 다른 형질을 유도할 수 있는 아미노산 부위의 변이를 가지고 있는 경우, 그리고 ② 지역사회 전파/다수 감염사례/집단발생 또는 다수 국가에서 검출되었을 경우 또는 WHO의 연구그룹과 협의를 통해 VOI 지정될 경우, 해당 변이 바이러스를 VOI로 정의한다.

다. WHO의 권고사항

WHO는 회원국에 대해 각 국에서 발생한 VOI와 VOC와 관련한 사례에 대한 정보를 WHO에 제공하고, 각 국가에서 확보된 양성 샘플에 대한 시퀀싱 감시를 통해 획득한 유전자정보를 GISAID 등과 같은 공개 데이터베이스에 공유할 것을 권장하였다. 또한 VOI와 VOC의 역학, 질병중증도, 공중보건학적 영향 등을 이해하기 위한 현장조사와 함께 진단, 항체면역반응 등 특성 분석을 위한 실험실 평가를 수행하거나 WHO에 지원을 요청하도록 권고하였다.

2. 주요 변이 바이러스(VOC)의 특징

가. 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)

2020년 12월 14일 영국 공중보건청(Public Health England)은 영국 남동부 지역 중심의 코로나19 확산 사례 조사 중 새로운 변이 바이러스가 발생하였음을 보고하였다. 후향적 분석을 통해 2020년 9월 20일에 최초 발생이 확인된 이후, 영국 유래 변이 바이러스는 현재 106개국에서 확인되고 있다. VOC202012/01로도 명명된 이 변이 바이러스는 GISAID clade GR, B.1.1.7 계통에 속한다[4]. 최근에는 501Y.V1의 발생이 확대됨에 따라 GISAID는 GR clade에 속한 501Y.V1을 별도의 GRY clade로 재분류하였다(2021.3.2.). 501Y.V1은 스파이크(Spike, S) 단백질의 변이(H69/V70 결실, Y145 결실, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H)와 NSP6 부분의 변이(S106/G107/F108 결실) 등을 특징으로 한다. 따라서 S 유전자 결실 부위를 타겟으로 하는 진단시약의 경우 위음성의 결과가 나올 수 있으나, 오히려 이를 변이 여부를 스크리닝하는 목적으로 사용하기도 한다.

501Y.V1은 다른 바이러스에 비해 약 1.5배 빠른 전파력으로 영국 내 우점화가 진행되며 전 세계로 빠르게 퍼져나가고 있으며, 사망위험도도 비변이 바이러스 대비 1.65배 정도 증가한 것으로 확인되고 있다. 자연획득 혹은 백신면역에 대해 중화능의 2~3배 감소가 확인되었으나 여전히 백신은 유효한 것으로 평가되고 있고, 세포결합부위(Receptor Binding Domain, RBD)에 작용하는 단일항체치료제에 대한 효능도 큰 영향이 없는 것으로 알려졌다.

2020년 12월말 영국에서는 기존 501Y.V1에 E484K가 추가된 변이 바이러스도 확인되어, VOC202012/02로 명명되었다.

나. 남아프리카공화국 유래 변이 바이러스(501Y.V2)

2020년 12월 21일 아프리카 CDC는 남아프리카공화국의 11월 초 2차 유행 이후 변이 바이러스 501Y.V2가 증가하며 확산되고 있음을 보고하였다. 최초 변이 바이러스는 2020년 10월 8일에 등록된 것으로 확인되었고, 현재 56개국에서 501Y.V2가 확인되고 있다. GH clade의 B.1.351 계통에 속하는 501Y.V2 변이 바이러스는 S 단백질의 RBD에 위치한 K417N, E484K, N501Y 변이 등을 포함하는 특징을 지니며, 501Y.V1과는 다른 유래로 추정되고 있다[5].

501Y.V2는 발생률 기반 분석을 통해 전파력이 약 1.5배 증가한 것으로 보고되고 있고, 질병중증도에 대한 유의미한 증가는 확인되고 있지 않다. 501Y.V2의 S 단백질 E484K 변이가 면역회피능과 큰 관련성이 있을 것으로 평가되고 있는데, 자연감염자 회복기혈청의 27~48%에서 중화능이 무력화된 것이 확인되었고, 모더나 백신과 화이자 백신에 대해 각각 8.6배와 6.5배의 중화능 감소가 보고되어, 백신 유효성에 대한 영향이 우려되고 있는 상황이다. 또한 단일항체치료제에 대한 효과도 크게 감소하는 것으로 확인되었다.

다. 브라질 유래 변이 바이러스(501Y.V3)

2020년 1월 6일 일본에서는 1월 2일 브라질에서 도착한 여행자로부터 새로운 변이 바이러스가 확인되었다. 최초 변이 바이러스는 2020년 12월 4일 브라질에서 확인이 되었으며, 현재 29개국에서 확인되고 있다. GR clade의 P.1 계통에 속하는 501Y.V3

변이 바이러스는 501Y.V3와 마찬가지로 S 단백질 RBD 부위의 E484K와 N501Y 변이를 포함한다[6].

브라질 마나우스 지역의 높은 항체 양성률(10월 약 75%)에도 불구하고 12월 중순 가파른 환자 수 증가와 함께 본 변이 바이러스가 검출되는 상황을 통해 변이 바이러스의 전파력 증가 및 재감염 등의 면역회피 가능성이 제시되고 있다. 비변이 바이러스 대비 1.4~2.2배의 빠른 전파력이 보고되고 있으나 질병중증도에 대한 영향은 아직 보고되고 있지 않다. 자연감염자의 회복기혈청에서 6.5배의 중화능 감소가 관찰되었고, 백신접종자 혈청에서는 2.2~2.8배의 중화능 감소가 보고되었다. 단일항체치료제에 대한 효과도 또한 크게 감소하는 것으로 확인되었다.

3. 기타 변이 바이러스(VOI)의 특징

가. 미국 유래 변이 바이러스(452R.V1 및 B.1.526)

2020년 1월 미국 북부 및 남부 캘리포니아에서 기존 영국 및 남아공 변이와는 다른 S 단백질의 L452R 변이가 있는 바이러스가 확산되고 있음이 보고되었다. GH clade의 B.1.429/B.1.427 계통에 속하는 452R.V1 변이 바이러스는 S 단백질의 변이(S13I, W152C, L452R) 등을 특징으로 하며, 현재 22개국에서 확인되고 있다[7].

L452R.V1은 환자발생 기반 전파력 증가 가능성이 제시되고 있으나 질병중증도와 관련해서는 추가 연구가 필요한 상황이다. 특히 S 단백질의 L452R 변이가 백신효과에 영향을 줄 수 있는 부위로 분석되고 있으나, 일부 단일항체치료제의 효과가 감소하는 실험적 결과 외 관련 연구결과가 부족하여 추가 실험연구 및 임상적 효능평가가 필요하다.

또한 2020년 2월 미국 뉴욕에서는 S 단백질의 E484K 변이를 포함하는 B.1.526 계통의 변이 바이러스가 발생했음이 보고되었다[8]. 2020년 11월, 코로나19 감염 AIDS환자(2020년 8월) 사례에서 확인된 변이 바이러스로부터 전파가 시작된 것으로 추정되며, S 단백질의 6개 변이(L5F, D253G, E484K, D614G 등)를 특징으로 한다. 전파력 및 질환중증도 등에 대한 과학적 근거가 부족하여 위험도 평가가 어려우나, S 단백질 RBD에 위치한 D253G,

E484K 변이로 인해 단일항체치료제 효과 감소 등 항체회피 가능성이 제시되고 있다.

나. 영국/나이지리아 유래 변이 바이러스(484K.V3)

2021년 2월 16일 영국 공중보건청(Public Health England)은 영국 및 나이지리아 등에서 확인된 새로운 변이 바이러스를 보고하였다. G clade의 B.1.525 계통에 속하는 484K.V3 변이 바이러스는 S 단백질의 E484K 변이를 특징으로 하며, 현재 23개국에서 확인되고 있다[9]. B.1.525 변이 바이러스도 남아공 및 브라질 변이 바이러스에서 확인되는 E484K 변이를 공유하고 있어서 면역반응 회피 가능성이 제시되고 있다.

4. 국내 변이 바이러스 확인 현황

질병관리청은 2020년 1월 국내 첫 코로나19 발생 이후, 국내 유행 코로나19 바이러스에 대하여 유전형 및 변이 확인을 위한 전장유전체 분석을 지속적으로 수행하고 있으며, 2021년 3월 1일까지 국내 발생 및 해외유입 확진자 대상 총 3,426건(국내 2,462건, 해외 964건)에 대한 분석을 실시하였다(국내 전체 확진자의 3.8%). 특히 영국 유래 변이 바이러스가 2020년 12월 국내에서 처음 확인된 이후 분석 역량 확대를 지속 추진하고 있다.

가. 국내 변이 바이러스 감시체계

국내 변이 바이러스 발생을 모니터링하기 위해, 국내 사례의 경우 집단발생 및 지역별 산발적 사례에 대한 역학적 분석 필요성과 지역 분배를 고려하여 대표성 있는 검체를 대상으로 유전자 분석을 실시하고 있다. 또한 해외유입 사례의 경우는 GISAID DB에서 확인 가능한 변이 바이러스 점유율, 변이 바이러스 확인 국가 및 지역사회 발생 국가 등을 기반으로 국가별 위험도를 자체 평가하여 분석 우선순위를 지정하여 실시하고 있다. 특히 해외 변이 바이러스 유입 및 국내 확산에 대응하기 위해 2021년 2월부터는 5개 권역별대응센터에서도 변이 유전자 분석을 확대 실시하고, S 유전자만을 타겟으로 한 부분 유전자 분석을 병행하여 신속한 결과

도출을 통한 분석량 확대를 추진하고 있다. 감시를 통해 확인된 바이러스 유전자 정보는 GISAID DB에도 공유하여, 변이 바이러스에 대한 국제적인 협력에도 적극 참여하고 있다.

나. 국내 코로나19 바이러스 유전형 분석 및 변이 감시

전장유전체 분석을 통해 코로나19 바이러스의 유전자형을 분석한 결과, 국내 발생 사례의 경우는 2020년 4월까지 S, V clade가 다수 확인되었으나, 5월 이태원클럽 발생 사례 이후 현재까지 GH clade가 대부분(89.8%)을 차지하고 있어 국내 우세형으로 확인되었다(그림 1). 다만, 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)가 발생하며 해당 clade인 GRY 형의 비율이 2020년 12월 1.3%에서 2021년 2월 5.7%로 증가하였다. 해외유입 사례의 경우 다양한 clade가 확인되고 있으나, 전체적으로는 GH 38.2%, GR 34.0%, G 10.9%, GRY 9.4% 순으로 확인되었다. 해외유입 사례의 경우 GRY clade의 비율이 2020년 12월 8.3%에서 41.8%로 크게 증가하였다(그림 2).

2020년 12월 이후 2021년 3월 1일까지 국내에서는 주요 변이 바이러스(VOC)가 총 162건 확인되었고, 그 중 501Y.V1 변이 바이러스가 138건, 501Y.V2가 18건, 501Y.V3가 6건을 차지하였다(표 1). 특히, 501Y.V1은 2020년 12월 15건이 확인된 이후, 2021년 2월 72건이 확인되어 지속적으로 발생이 증가하고 있는 상황이다. 501Y.V1 138건 중 104건이 해외유입단계에서 확인되었는데, 헝가리(28건), 영국(18건), 가나(10건), UAE(9건), 폴란드(9건), 요르단(7건) 등 총 21개국에서 확인이 되었고, 501Y.V2는 18건 중 17건이 해외유입과 관련하여 탄자니아(7건), UAE(4건), 남아공(2건) 등 총 7개국에서 확인되었다. 501Y.V3 6건은 모두 해외유입 사례로 브라질(4건), 캐나다(1건), 사우디아라비아(1건) 총 3개국에서 확인되었다(표 2).

기타 변이 바이러스에 해당하는 미국 캘리포니아 유래의 L452R.V1은 2020년 12월 이후 총 55건 확인되었고, 그 중 해외유입 사례 23건은 미국(21건)과 멕시코(2건) 입국 확진자에서 확인되었으며, 미국 뉴욕 유래의 B.1.526는 2021년 2월 미국(3건)에서 입국한 확진자에서 확인되었다. 또한 484K.V3 변이

바이러스는 2021년 2월 나이지리아(2건)와 수단(1건)에서 입국한 확진자에서 확인되어, 2월 이후 다양한 변이 바이러스의 해외유입이 감시 과정에서 확인되었다.

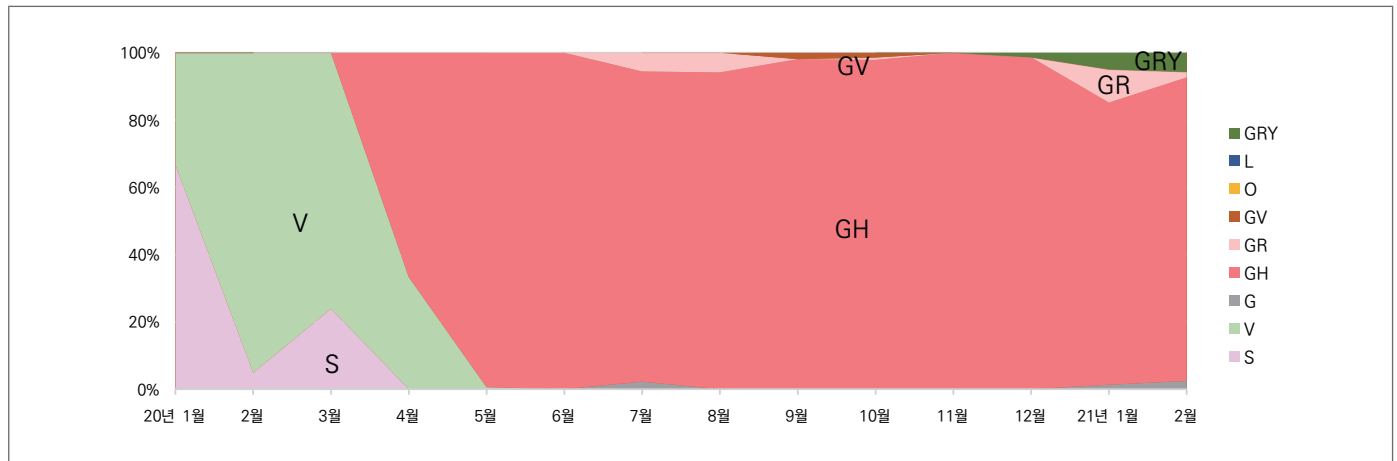


그림 1. 국내 발생 사례의 코로나19 바이러스 clade 분포

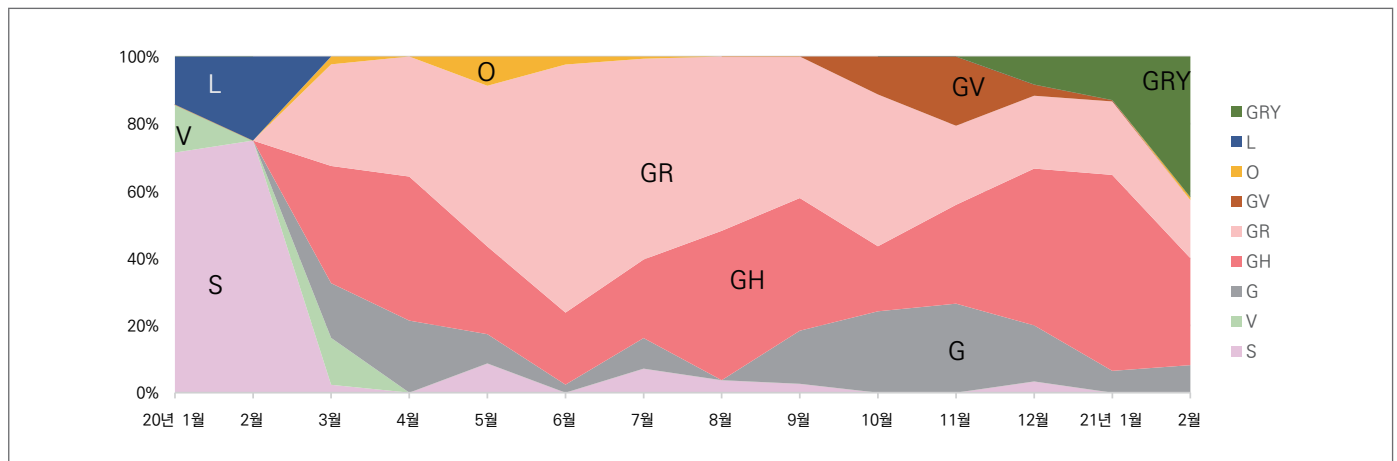


그림 2. 해외 유입 사례의 코로나19 바이러스 clade 분포

표 1. 국내 변이 바이러스 확인 현황(2021. 3. 1. 현재)

단위 : 건

구분	분석 건수	주요 변이 바이러스(VOC)				기타 변이 바이러스(VOI)			
		계	501Y.V1	501Y.V2	501Y.V3	계	452R.V1	B.1.526	484K.V3
계	1,516	162 (10.7%)*	138 (9.1%)	18 (1.2%)	6 (0.4%)	61 (4.0%)	55 (3.6%)	3 (0.2%)	3 (0.2%)
2020년 12월	495	16 (3.2%)	15 (3.0%)	1 (0.2%)	0 (0.0%)	14 (2.8%)	14 (2.8%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
2021년 1월	551	67 (12.2%)	51 (9.3%)	10 (1.8%)	6 (1.1%)	20 (3.6%)	20 (3.6%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
2021년 2월	470	79 (16.8%)	72 (15.3%)	7 (1.5%)	0 (0.0%)	27 (5.7%)	21 (4.5%)	3 (0.6%)	3 (0.6%)

* 변이 바이러스 확인율 = (변이 바이러스 수 / 분석 건수) × 100

표 2. 국내 변이 바이러스 유입 국가(2021. 3. 1. 현재)

단위 : 건

구분	확인경로	건수	유입 국가
주요 변이 바이러스 (VOC)	501Y.V1 (138)	해외유입 104	총 21개국 : 헝가리(28), 영국(18), 가나(10), UAE(9), 폴란드(9), 요르단(7), 미국(5), 세르비아(3), 파키스탄(2), 이라크(2), 몰디브(1), 나이지리아(1), 노르웨이(1), 프랑스(1), 중국(1), 슬로바키아(1), 리비아(1), 에티오피아(1), 독일(1), 러시아(1), 필리핀(1)
		국내 34	-
	501Y.V2 (18)	해외유입 17	총 7개국 : 탄자니아(7), UAE(4), 남아공(2), 짐바브웨(1), 말라위(1), 잠비아(1), 미국(1)
		국내 1	-
	501Y.V3 (6)	해외유입 6	총 3개국 : 브라질(4), 캐나다(1), 사우디아라비아(1)
		국내 0	-
기타 변이 바이러스 (VOI)	452R.V1 (55)	해외유입 23	총 2개국 : 미국(21), 멕시코(2)
		국내 32	-
	B.1.526 (3)	해외유입 3	총 1개국 : 미국(3)
		국내 0	-
	484K.V3 (3)	해외유입 3	총 1개국 : 나이지리아(2), 수단(1)
		국내 0	-

맺는말

2019년 12월 이후 코로나19 발생이 계속되며 일부 변이 바이러스의 발생 규모가 커지고 있는 상황이다. 전파력 또는 면역효과에 영향을 미칠 수 있는 변이 바이러스가 확산되며 WHO는 변이 바이러스를 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(VOI)로 잠정적으로 분류하며 공중보건학적인 조치를 권장하고 있다. 질병관리청에서는 2020년 1월 코로나19 확진자를 최초 확인한 이후부터 전장유전체 분석 등을 통해 코로나19 바이러스의 유전적 특성을 지속적으로 분석해 온 결과 주요 변이 바이러스인 501Y.V1, 501Y.V2, 501Y.V3와 기타 변이 바이러스인 452R.V1, B.1.526, 484K.V3 변이 바이러스 등을 확인할 수 있었다. 변이 바이러스의 해외 유입 및 국내 발생 우려가 커지는 상황에 대응하기 위해 질병관리청은 분석역량 확대를 통한 감시체계 강화를 지속적으로 추진하고 있다. 다만, 변이 바이러스의 전파력, 병원성, 질병중증도 등 아직도 밝혀지지 않은 부분이 많기 때문에 실험실 단위의 변이 바이러스 특성 분석과 임상, 역학적 분석을 통해 변이 바이러스의 특성을 명확하게 밝히는 것이 필요하다.

① 이전에 알려진 내용은?

최근 영국, 남아프리카공화국, 브라질 등에서 유래한 코로나19 변이 바이러스가 전 세계에 확산되고 있고, 전파력 증가 및 면역반응 감소 등 기존 바이러스와는 차이를 나타내는 것으로 알려져 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

국내 코로나19 전장유전체 분석을 통해 국내 유행하는 코로나19 바이러스는 GH clade인 것으로 확인되었고, 2020년 12월 이후 영국, 남아공, 브라질 유래 주요 변이 바이러스 및 미국 등에서 유래한 기타 변이 바이러스가 국내에서 확인되었다. 이에 따라 질병관리청은 유전자 분석역량 확대를 통한 감시강화를 추진하고 있다.

③ 시사점은?

국내 변이 바이러스의 유입 및 확산을 차단하기 위해서는 변이 바이러스 감시 체계 강화를 통한 신속한 대응과 함께 변이 바이러스의 특성 분석을 통한 과학적 근거 기반 마련이 필요하다.

참고문헌

1. GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza), <https://www.gisaid.org>
2. PANGO Lineages, <https://cov-lineages.org>
3. 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
4. NERVTAG: Brief note on SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 (27 January 2021), <http://www.gov.uk>
5. NERVTAG: Brief note on SARS-CoV-2 B.1.351 (27 January 2021), <http://www.gov.uk>
6. NERVTAG: Brief note on SARS-CoV-2 VOC P.1 (27 January 2021), <http://www.gov.uk>
7. Wenjuan Zhang, Brian D. Davis, et al., Emergence of a Novel SARS-CoV-2 Variant in Southern California. JAMA, Published online February 11, 2021. doi:10.1001/jama.2021.1612
8. Medini K, Annavajhala, Hiroshi Mohri, et al., A Novel SARS-CoV-2 Variant of Concern, B.1.526, Identified in New York, medRxiv preprint, 23 February 2021
9. Confirmed cases of COVID-19 variants identified in the United Kingdom (16 February 2021), <https://www.gov.uk/government/news/confirmed-cases-of-covid-19-variants-identified-in-uk>

Abstract

COVID-19 Variant Surveillance Study in the Republic of Korea

Kim Il-Hwan, Park Ae Kyung, Kim Jeong-Min, Kim Heui Man, Lee Nam-Joo, Woo SangHee, Lee Chae young, Lee Jaehee, Rhee JeeEun, Kim Eun-Jin
Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Recently, the coronavirus disease (COVID-19) virus variants originating in the United Kingdom (UK), South Africa, and Brazil are spreading all over the world, and the variants are known to be different from non-variants in their transmissibility and immune effect. Accordingly, the World Health Organization (WHO) recommended public health measures for variants and proposed working definitions of a variant of concern (VOC) and a variant of interest (VOI).

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has been continuously monitoring the genotype and the variations of COVID-19 virus through whole genome sequencing analysis from the outbreak of COVID-19 in January 20, 2020, to the present. As a result, 162 VOCs originating from the UK (138), South Africa (18), and Brazil (6) and 61 VOIs originating from California, USA (55), New York, USA (3) and the UK/Nigeria (3). were identified early, and the genome information of the variants confirmed through surveillance were shared in the GISAID DB for international cooperation. To cope with the continuing spread of COVID-19 variants, the KDCA is continuing to strengthen its surveillance system by expanding its analysis capacity. This report was intended to help establish countermeasures to prevent the spread of variants by providing information on the characteristics of variants occurring at domestic and overseas, and the results of domestic surveillance.

Keywords: Coronavirus disease (COVID-19), Virus variant, Whole genome sequencing analysis

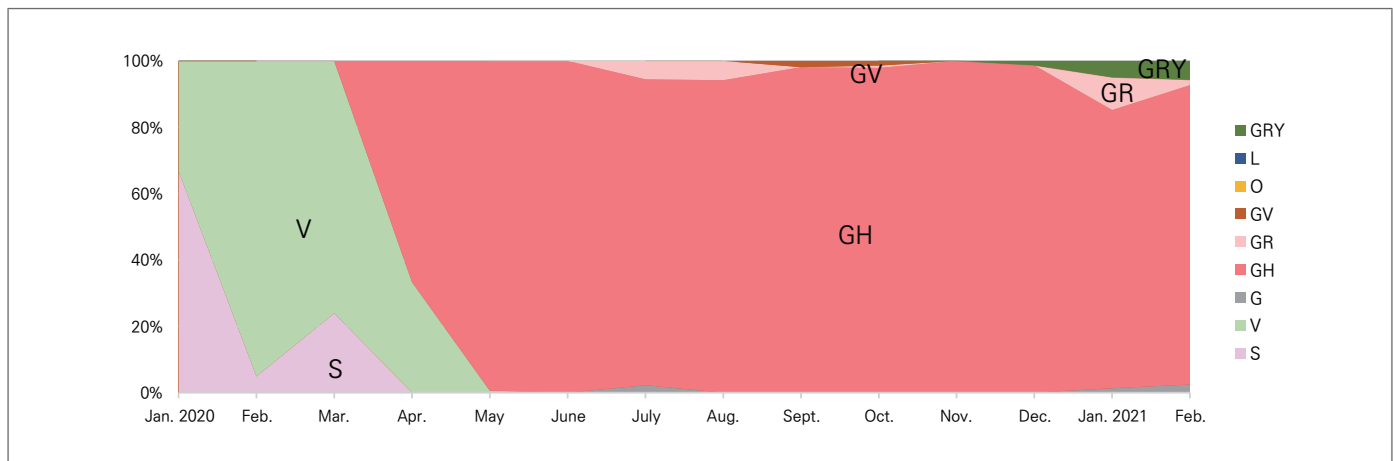


Figure 1. The distribution of the clades of COVID-19 virus in domestic cases

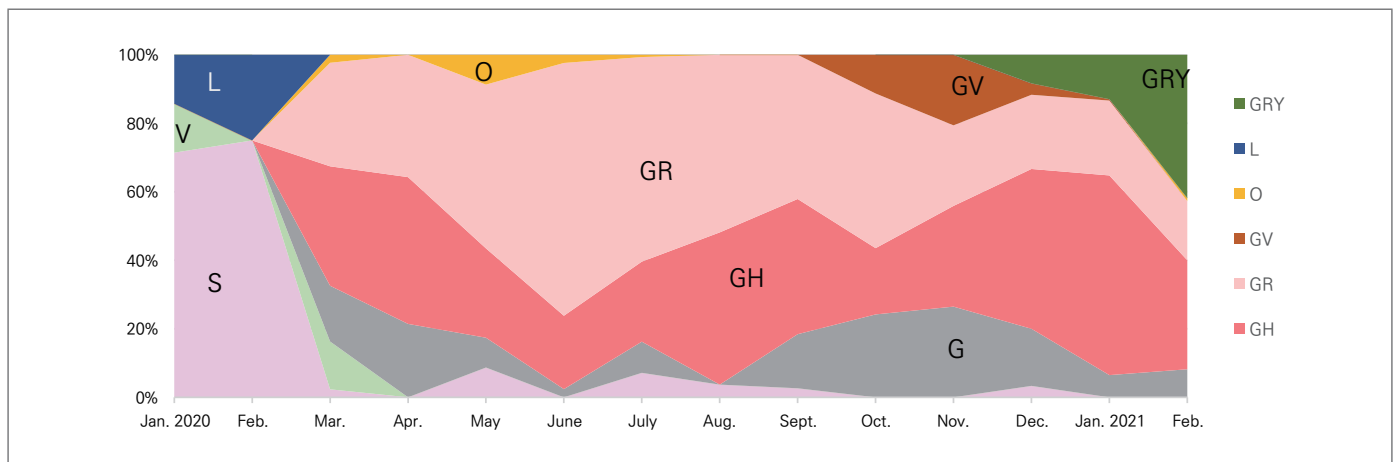


Figure 2. The distribution of the clades of COVID-19 virus in imported cases

Table 1. The occurrence status of COVID-19 variants in the Republic of Korea (As of March 1st, 2021)

	No. of Samples	Variant of Concern (VOC)				Variant of Interest (VOI)			
		Total	501Y.V1	501Y.V2	501Y.V3	Total	452R.V1	B.1.526	484K.V3
Total	1,516	162 (10.7%)*	138 (9.1%)	18 (1.2%)	6 (0.4%)	61 (4.0%)	55 (3.6%)	3 (0.2%)	3 (0.2%)
Dec. 2020	495	16 (3.2%)	15 (3.0%)	1 (0.2%)	0 (0.0%)	14 (2.8%)	14 (2.8%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Jan. 2021	551	67 (12.2%)	51 (9.3%)	10 (1.8%)	6 (1.1%)	20 (3.6%)	20 (3.6%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Feb. 2021	470	79 (16.8%)	72 (15.3%)	7 (1.5%)	0 (0.0%)	27 (5.7%)	21 (4.5%)	3 (0.6%)	3 (0.6%)

* Confirmation rate of variants = (No. of variants / No. of Samples) × 100

Table 2. The routes in which the COVID-19 variants were identified in the Republic of Korea (As of March 1st, 2021)

	Route	No. of Variants	Countries
Variant of Concern (VOC)	501Y.V1 (138)	Imported	104 Total 21 countries: Hungary (28), United Kingdom (18), Ghana (10), UAE (9), Poland (9), Jordan (7), USA (5), Serbia (3), Pakistan (2), Iraq (2), Maldives (1), Nigeria (1), Norway (1), France (1), China(1), Slovakia (1), Libya (1), Ethiopia (1), Germany(1), Russia (1), Philippines (1)
		Domestic	34 –
	501Y.V2 (18)	Imported	17 Total 7 countries: Tanzania (7), UAE(4), South Africa (2), Zimbabwe (1), Malawi (1), Zambia (1), USA (1)
		Domestic	1 –
	501Y.V3 (6)	Imported	6 Total 3 countries: Brazil (4), Canada (1), Saudi Arabia (1)
		Domestic	0 –
Variant of Interest (VOI)	452R.V1 (55)	Imported	23 Total 2 countries: USA (21), Mexico (2)
		Domestic	32 –
	B.1.526 (3)	Imported	3 Total 1 country: USA (3)
		Domestic	0 –
	484K.V3 (3)	Imported	3 Total 1 country: Nigeria (2), Sudan (1)
		Domestic	0 –

국내 코로나19 주요 변이 바이러스 환자의 임상 · 역학적 특성

중앙방역대책본부 상황총괄단 환자관리팀 김지아, 김정연, 객진*

*교신저자 : gwackjin@korea.kr

초 록

2020년 1월 20일 국내 첫 코로나바이러스감염증-19(코로나19, COVID-19) 확진환자가 발생한 이후 2021년 3월 1일까지 총 90,029명의 환자가 발생하였고, 2020년 12월 말 이후 국내 변이 바이러스 첫 사례가 확인된 이후 현재까지 총 162명의 환자가 확인되었다. 코로나바이러스감염증-19의 변이 중 전파력 및 치명률 등에 영향을 미칠 수 있는 주요 변이 바이러스 대응을 위해서 현재까지 국내에서 발생한 주요 변이 바이러스 환자의 역학적·임상적 특성을 분석하여 공유하고자 한다.

질병관리청 코로나19 정보관리시스템으로 보고된 기초 및 심층 역학조사서와 환자관리 정보시스템, 유선 모니터링 등을 활용하여 수집된 국내 주요 변이 바이러스 환자 162명의 역학적 특성과 임상적 특성을 분석하였다.

전체 환자 162명의 감염경로는 해외유입 127명(78.4%)이었고, 국내감염은 35명(21.6%)이었다. 성별은 남자가 106명(65.4%)로 여자 56명(34.6%)보다 많았다. 연령대별로는 30~39세가 42명(25.9%)로 가장 많았고, 평균 연령은 36.4세였다. 국적은 내국인이 105명(64.8%)으로 외국인 57명(35.2%)보다 많았다. 국내 주요 변이 바이러스 환자 중에서 유증상자는 100명(61.7%)으로 절반이상이 증상이 있었으며 무증상자는 62명(38.3%)이었다. 증상을 구분하면 발열을 동반하지 않고 경증 호흡기 증상만 호소한 경우가 37명(22.8%)으로 가장 많았고, 발열을 동반한 경증 호흡기 증상을 호소한 경우가 27명(16.7%)으로 많았다. 국내 주요 변이 바이러스 환자들의 주호소증상은 대부분 경미한 편이나, 영국 유래 변이 바이러스 환자 중 5명이 위중증 단계에 해당하였다(사망 1 포함). 국내 주요 변이 바이러스 환자의 위중증 비율은 3.09%, 치명률은 0.6%였다. 그러나 아직 변이 바이러스에 대한 연구가 진행되고 있으며, 국내 변이 바이러스 환자가 지속 발생하고 있기 때문에 지속적인 모니터링 및 변이 바이러스별 환자 분석을 통하여 주요 변이 바이러스별 환자 관리방안에 대한 대응전략을 수립하는 것이 중요하다

주요 검색어 : 코로나바이러스감염증-19, 변이 바이러스, 임상적 특성

들어가는 말

2019년 12월 31일 중국 후베이성 우한시에서 시작된 코로나 바이러스감염증-19(코로나19, COVID-19)는 2021년 1월 19일까지 전 세계적으로 93,217,287명이 발생 보고되었고[3], 우리나라는 2020년 1월 20일 첫 확진자 보고 이후 2021년 3월 1일까지 총 90,029명의 코로나19 환자가 발생하였다. 코로나19 첫 발생 이후 약 1년이 지난 현재 전 세계는 변이 바이러스로 인하여 또 다른 유행국면을 맞고 있다. 20년 9월 20일 영국 유래 변이 바이러스 감염이 보고된

후[1] 전 세계적으로 빠르게 변이 바이러스의 전파가 확대되고 있다. 국내에서도 2020년 12월 검역단계에서 영국 유래 변이 바이러스 감염자를 처음으로 확인된 후 현재까지 총 162명의 변이 바이러스 감염자가 확인되었다. 영국 유래 변이 바이러스의 경우 높은 전파력(1.5배)이 보고되고 있고[1,4], 남아공, 브라질 유래 변이 바이러스의 경우에도 높은 전파력의 가능성이 시사되고 있으며[5,8] 변이부위에 따른 항체 회피의 가능성도 보고되고 있으나[6,7], 아직은 지속적인 연구가 필요한 상황이다.

이에 변이 바이러스의 국내유입 확산을 차단하기 위해 주요

변이 바이러스 발생 위험국에서 입국 시 음성확인서 제출 및 검사 후 시설 및 자가격리 조치를 강화하는 방향으로의 대응하고 있다[2]. 또한 주요 변이 바이러스 위험 국가에서 입국한 후 확진된 사람 및 주요 변이 바이러스 감염이 확인된 환자에 대해서는 강화된 환자 관리방안을 적용하였다. 강화된 환자 관리방안의 내용을 보면 주요 변이 바이러스 의심 및 감염이 확인된 환자의 경우 전수 1인실 격리를 실시하고, 감염관리 철저, 격리 해제시 한시적으로 검사기반 격리해제 기준만을 적용하여 PCR 검사상 연속 2회가 확인된 경우로 강화하여 관리하고 있다. 그러나 주요 변이 바이러스에 대한 연구가 지속되고 있으므로 바이러스 전파기간 등에 대한 과학적인 근거가 마련되면 변이 바이러스 감염자에 대한 근거기반의 격리해제 기준을 마련할 계획이다.

이에 현재까지 국내에서 발생한 주요 변이 바이러스 환자의 역학적·임상적 특성을 분석하여 향후 지속적인 모니터링을 바탕으로 변이 바이러스 환자 관리방안에 대한 대응 전략을 수립하고자 한다.

몸 말

1. 조사방법

본 연구는 2020년 12월 28일부터 2021년 3월 1일까지

국내에서 확인된 영국 유래, 남아프리카공화국 유래, 브라질 유래 변이 바이러스 감염자 총 162명을 분석 대상으로 R을 이용하여 기초 역학조사서 및 임상정보를 빈도분석 및 교차분석(χ^2 검정)을 수행하였다. 대상자 162명(영국 유래 변이 바이러스-138명, 남아프리카공화국 유래 변이 바이러스-18명, 브라질 유래 변이 바이러스-6명)의 역학적 특성과 임상적 특성에 대하여 분석하였다.

2. 주요결과

가. 인지경로

2020년 12월 28일부터 2021년 3월 1일까지 국내에서 확인된 영국 유래, 남아프리카공화국 유래, 브라질 유래 변이 바이러스 감염자는 총 162명이 확인되었다. 주요 변이 바이러스 감염자의 감염경로를 보면 해외유입 127명(78.4%)이었고 이 중 입국 후 자가격리 단계에서 확진이 확인된 경우가 67명(41.4%)로 가장 많았고, 검역단계에서 확진된 경우가 58명(35.8%), 격리면제자 중 입국 후 실시한 진단 검사에서 확진된 경우가 2명(2.1%) 순이었다. 국내감염은 35명(21.6%)이 확인되었고 이 중 확진자 접촉이 32명(19.8%)였고 나머지 3명(1.9%)는 감염경로 조사중으로 분류되었다.

나. 역학적 특성

① 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)

표 1. 국내 변이 바이러스 환자의 인지경로

구분	계	영국 유래 변이 (501Y.V1)	남아공 유래 변이 (501Y.V2)	브라질 유래 변이 (501Y.V3)	p-value**
계	162 (100.0%)	138 (100.0%)	18 (100.0%)	6 (100.0%)	
해외유입	127 (78.4%)	104 (75.4%)	17 (94.4%)	6 (100.0%)	
검역단계 확진	58 (35.8%)	48 (34.8%)	8 (44.4%)	2 (33.3%)	0.398
자가격리 중 확진	67 (41.4%)	54 (39.1%)	9 (50.0%)	4 (66.7%)	
기타*	2 (1.2%)	2 (1.4%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
국내감염	35 (21.6%)	34 (24.6%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
확진자접촉	32 (19.8%)	31 (22.5%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	0.270
감염경로 조사중	3 (1.9%)	3 (2.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	

* 격리면제자

** 카이제곱검정

영국 유래 변이 바이러스 환자는 국내 주요 변이 바이러스 환자 전체 162명 중 138명(85.2%)으로 가장 많았다. 성별은 남자가 91명(65.9%)으로 여자 47명(34.1%)보다 많았고, 연령대는 30~39세가 34명(24.6%)으로 가장 많았으며, 20~29세 28명(20.3%), 40~49세 26명(18.8%) 순으로 많았다. 격리치료장소별로는 의료기관이 73명(52.9%)으로 가장 많았고, 생활치료센터 63명(45.7%), 자가치료 1명(0.7%) 순이었다. 강화된 환자 관리방안을 적용하여 검사기반 기준으로 격리 해제된 사람은 36명이고, 평균 격리기간은 25.9일이었다.

변이 바이러스 환자 전체 162명 중 18명(11.1%)이었다. 성별은 남자가 11명(61.1%)으로 여자 7명(38.9%)보다 많았고, 연령대는 30~39세가 6명(33.3%)으로 가장 많았으며, 20~29세, 40~49세가 각각 4명(22.2%) 순이었다. 격리치료 장소별로는 생활치료센터가 11명(61.1%)으로 가장 많았고, 의료기관 6명(33.3%), 자가치료 1명(5.6%) 순이었다. 사망을 포함하여 위중증 환자는 없었다. 강화된 환자 관리방안을 적용하여 검사기반 기준으로 격리 해제된 사람은 7명이고, 평균 격리기간은 25.9일로 영국 유래 변이 바이러스와 동일하였다.

② 남아프리카공화국 유래 변이 바이러스(501Y.V2)

남아프리카공화국 유래 변이 바이러스 환자는 국내 주요

③ 브라질 유래 변이 바이러스(501Y.V3)

브라질 유래 변이 바이러스 환자는 국내 주요 변이 바이러스

표 2. 국내 변이 바이러스 환자의 역학적 특성

구분	계	영국 유래 변이 (501Y.V1)	남아공 유래 변이 (501Y.V2)	브라질 유래 변이 (501Y.V3)	p-value**
계	162 (100.0%)	138 (85.2%)	18 (11.1%)	6 (3.7%)	
성별					
남	106 (65.4%)	91 (65.9%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.919
여	56 (34.6%)	47 (34.1%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
국적					
내국인	105 (64.8%)	90 (65.2%)	9 (50.0%)	6 (100.0%)	0.082
외국인	57 (35.2%)	48 (34.8%)	9 (50.0%)	0 (0.0%)	
연령대					
0-9세	10 (6.2%)	9 (6.5%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	0.878
10-19세	11 (6.8%)	10 (7.2%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
20-29세	33 (20.4%)	28 (20.3%)	4 (22.2%)	1 (16.7%)	
30-39세	42 (25.9%)	34 (24.6%)	6 (33.3%)	2 (33.3%)	
40-49세	30 (18.5%)	26 (18.8%)	4 (22.2%)	0 (0.0%)	
50-59세	18 (11.1%)	17 (12.3%)	0 (0.0%)	1 (16.7%)	
60-69세	15 (9.3%)	11 (8.0%)	2 (11.1%)	2 (33.3%)	
70-79세	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
80세 이상	2 (1.2%)	2 (1.4%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
격리치료장소					
생활치료센터	78 (48.1%)	63 (45.7%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.619
의료기관	81 (50.0%)	73 (52.9%)	6 (33.3%)	2 (33.3%)	
자가치료	2 (1.2%)	1 (0.7%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
기타*	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	

* 격리치료 비대상(확진 전 사망)

** 카이제곱검정

환자 전체 162명 중 6명(3.7%)이었다. 성별은 남자가 4명(66.7%)으로 여자 2명(33.3%)보다 많았고, 연령대는 30~39세, 60~69세가 각 2명(33.3%)이었고, 20~29세, 60~69세가 각 1명(16.7%)이었다. 격리치료 장소별로는 생활치료센터가 4명(66.7%)으로 가장 많았고, 의료기관 2명(33.3%)이었다. 사망을 포함하여 위중증 환자는 없었다. 강화된 환자 관리방안을 적용하여 검사기반 기준으로 격리해제된 사람은 2명이고, 평균 격리기간은 22.0일로 영국 유래 변이 바이러스와 남아공 유래 변이 바이러스에 비해서는 3일 짧았다.

다. 임상적 특성

국내 주요 변이 바이러스 환자 중에서 증상이 있다고 호소한 유증상자는 100명(61.7%)으로 절반 이상이었고, 무증상자는 62명(38.3%)이었다. 무증상을 제외하고 호소한 증상별로 구분하면 발열을 동반하지 않고 경증 호흡기 증상(기침 등)만 호소한 경우가 37명(22.8%)로 가장 많았고, 발열을 동반한 경증 호흡기 증상을 호소한 경우가 27명(16.7%), 발열만 호소한 경우 18명(11.1%), 발열 동반 기타증상(오한, 복통 등) 및 기타증상만 호소한 경우가 각

8명(4.9%)이었고, 미·후각 소실이 2명(1.2%) 이었다.

국내에서는 고유량 산소요법(High flow), 인공호흡기, 체외막산소공급(ECMO), 지속적신대체요법(CRRT) 등으로 격리 치료를 받은 환자를 위중증으로 분류하고 있다. 국내 주요 변이 바이러스 환자들의 주호소증상은 대부분 경미한 편이었으나, 영국 유래 변이 바이러스 환자 중 5명이 위중증 단계에 해당 하였다(사망포함). 국내 주요 변이 바이러스 환자의 위중증 비율은 3.09%, 치명률은 0.6%였다. 국내 주요 변이 바이러스 감염자의 위중증 비율과 치명률을 비교하여 보았을 때 기존의 코로나19와 큰 차이를 보이지는 않았지만, 아직 변이 바이러스에 대한 연구가 진행되고 있으며, 국내 변이 바이러스 환자가 지속 발생하고 있기 때문에 지속적인 모니터링 및 분석이 필요하다.

표 3. 국내 변이 바이러스 환자의 임상적 특성

구분	계	영국 유래 변이 (501Y.V1)	남아공 유래 변이 (501Y.V2)	브라질 유래 변이 (501Y.V3)	p-value*
계	162 (100.0%)	138 (85.2%)	18 (11.1%)	6 (3.7%)	
증상유무					
유증상	100 (61.7%)	85 (61.6%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.967
무증상	62 (38.3%)	53 (38.4%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
증상구분					
발열	18 (11.1%)	11 (8.0%)	6 (33.3%)	1 (16.7%)	0.027
발열 동반 호흡기증상	27 (16.7%)	27 (19.6%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
발열 동반 기타증상	8 (4.9%)	6 (4.3%)	2 (11.1%)	0 (0.0%)	
단순 호흡기 증상	37 (22.8%)	33 (23.9%)	2 (11.1%)	2 (33.3%)	
미 · 후각소실	2 (1.2%)	1 (0.7%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
기타증상	8 (4.9%)	7 (5.1%)	0 (0.0%)	1 (16.7%)	
무증상	62 (38.3%)	53 (38.4%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
중증도					
사망	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0.924
위중증	4 (2.5%)	4 (2.9%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
위중증 아님	157 (96.9%)	133 (96.4%)	18 (100.0%)	6 (100.0%)	

맺는 말

2019년 12월 31일 중국 후베이성 우한시에서 시작된 코로나19의 전 세계적 유행상황이 1년이 지났다. 그러나 전 세계의 코로나19 유행상황은 2020년 9월 20일 영국에서 변이 바이러스 감염이 보고된 후 변이 바이러스로 인한 유행이 이어지고 있다. 영국 유래 변이 바이러스의 경우 높은 전파력(1.5배)이 보고되고 있고[1,4], 남아공 유래, 브라질 유래 변이 바이러스의 경우에도 높은 전파력의 가능성이 시사되고 있으며[5,8] 변이부위에 따른 항체 회피의 가능성도 보고되고 있으나[6,7], 아직은 지속적인 연구가 필요한 상황이다. 이에 국내에서도 지속적으로 영국 유래, 남아프리카공화국 유래, 브라질 유래 변이 바이러스 환자의 역학적, 임상적 정보를 분석하면서 국내 변이 바이러스 환자에 대한 환자관리 대응 전략을 수립할 필요성이 있다.

① 이전에 알려진 내용은?

2020년 12월 국내 첫 변이 바이러스 감염자가 확인된 이후, 2021년 3월 1일까지 국내에서 확인된 변이 바이러스 감염자는 영국 유래 변이 바이러스 138명, 남아공 유래 변이 바이러스 18명, 브라질 유래 변이 바이러스 6명으로 모두 162명이다.

② 새로이 알게 된 내용은?

162명 중 남자가 106명(65.4%)으로 여자 56명(34.6%)보다 많았다. 연령대별로는 30~39세가 42명(25.9%)으로 가장 많았고, 평균 연령은 36.4세였다. 국내 주요 변이 바이러스 환자 중에서 유증상자가 100명(61.7%), 무증상자가 62명(38.3%)이었으며, 주호소증상 중에서는 발열을 동반하지 않고 경증 호흡기 증상만 호소한 경우가 37명(22.8%)으로 가장 많았다. 또한 중증도의 경우 영국 유래 변이 바이러스 환자 중 5명이 위중증 단계에 해당하였다(사망 1명 포함).

③ 시사점은?

지속적인 변이 바이러스별 환자의 임상 상태 모니터링을 바탕으로 위중증 및 치명률 등 변이 바이러스 특성에 따른 변이 바이러스 환자 관리방안에 대한 대응 전략을 수립하여야 한다.

참고문헌

1. WHO. COVID-19 Weekly Epidemiological Update, 2021,3,14
2. 질병관리청. 코로나바이러스감염증-19 대응지침 9-5판(지자체용)
3. 중앙방역대책본부 정보분석팀. 코로나바이러스감염증-19 1년 발생보고서(2021.1.19. 기준), 중앙방역대책본부. 주간 건강과 질병. 2021;14(9):472-481
4. Emergence of SARS-CoV-2 B.1.1.7 Lineage — United States, December 29, 2020–January 12, 2021 Morbidity and Mortality Weekly Report (MMWR) 2021,01,15.
5. SARS-CoV-2 escape in vitro from a highly neutralizing COVID-19 convalescent plasma. bioRxiv. 2020.12.28., Emanuele Andreano 등
6. Landscape analysis of escape variants identifies SARS-CoV-2 spike mutations that attenuate monoclonal and serum antibody neutralization. bioRxiv. 2020.11.8., Zhuoming Liu 등
7. Molecular dynamic simulation reveals E484K mutation enhances spike RBD-ACE2 affinity and the combination of E484K, K417N, and N501Y mutations (501Y.V2 variant) induces conformational change greater than N501Y mutant alone, potentially resulting in a escape mutant. bioRxiv. 2021.01.13., Gard Nelson, Patrick Soon-Shiong 등
8. Genomic characterization of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. viological.org. 2021,01,13., Nuno R. Faria 등

Abstract

Epidemiological and clinical characteristics of COVID-19 variants of concern in the Republic of Korea

Kim Jia, Kim Jeong Yeon, Gwack Jin

Case Management Team, Response Coordination Task Force, Central Disease Control Headquarters, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

From January 20, 2020 to March 1, 2021, a total of 90,029 cases of Coronavirus disease-19 emerged after the first confirmed case was reported in Korea. A total of 162 patients of Variants of Concern (VOCs) have been confirmed since the first case was confirmed in Korea in December 2020. The purpose of this paper was to analyze and share the epidemiological and clinical characteristics of VOC patients in Korea. This paper is relevant because its findings offer suggestions as to how to respond to VOCs that can affect transmissibility and mortality among variants.

The epidemiological and clinical characteristics of 162 VOC cases in Korea were analyzed using initial and in-depth epidemiological investigation results reported through the Korea Disease Control and Prevention Agency's (KDCA) COVID-19 information management system; the information system for managing confirmed patients (HIRAe).

The 162 VOC cases were divided into three groups: 501Y.V1, 501Y.V2 and 501Y.V3. Among the 162 cases, there were 127 imported cases (78.4%) and 35 locally-acquired cases (21.6%). There were 106 male cases (65.4%) and 56 female cases (34.6%). The average age was 36.4. By age group, people aged 30 to 39 accounted for 25.9%. 105 cases (64.8%) were Korean nationals. One hundred cases (61.7%) were symptomatic at diagnosis. Among the symptoms, 37 (22.8%) was mild respiratory symptoms without fever, and 27 (16.7%) was mild respiratory symptoms with fever. Most symptoms of VOC patients in Korea were mild, but five of the 501Y.V1 (VOC originating from the UK) patients were severe/critical (including one death). The rate of severe/critical symptoms was 3.09%, and the fatality rate was 0.6%.

However, since researches on VOCs are ongoing worldwide and the number of VOCs detected in Korea is increasing, it is important to establish strategy for variant virus patient management through continuous monitoring and analysis.

Keywords: Covid-19, Variant Of Concern (VOC), Clinical characteristic

Table 1. Route of infection and detection of VOCs in Korea

	Total	501Y.V1 (originating from the UK)	501Y.V2 (originating from the South Africa)	501Y.V3 (originating from the Brazil)	p-value**
Total	162 (100.0%)	138 (100.0%)	18 (100.0%)	6 (100.0%)	
Imported cases	127 (78.4%)	104 (75.4%)	17 (94.4%)	6 (100.0%)	
At entry screening	58 (35.8%)	48 (34.8%)	8 (44.4%)	2 (33.3%)	0.398
During home quarantine	67 (41.4%)	54 (39.1%)	9 (50.0%)	4 (66.7%)	
Others*	2 (1.2%)	2 (1.4%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
Locally-acquired cases	35 (21.6%)	34 (24.6%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
Contact with confirmed cases	32 (19.8%)	31 (22.5%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	0.270
Under investigation (unclassified)	3 (1.9%)	3 (2.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	

* Home quarantine exemption; ** χ^2 test

Table 2. Epidemiological characteristics of VOCs in Korea

	Total	501Y.V1 (originating from the UK)	501Y.V2 (originating from the South Africa)	501Y.V3 (originating from the Brazil)	p-value**
Total	162 (100.0%)	138 (85.2%)	18 (11.1%)	6 (3.7%)	
Gender					
Male	106 (65.4%)	91 (65.9%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.919
Female	56 (34.6%)	47 (34.1%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
Nationality					
Koreans	105 (64.8%)	90 (65.2%)	9 (50.0%)	6 (100.0%)	0.082
Foreigners	57 (35.2%)	48 (34.8%)	9 (50.0%)	0 (0.0%)	
Age group (yrs)					
0-9	10 (6.2%)	9 (6.5%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	0.878
10-19	11 (6.8%)	10 (7.2%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
20-29	33 (20.4%)	28 (20.3%)	4 (22.2%)	1 (16.7%)	
30-39	42 (25.9%)	34 (24.6%)	6 (33.3%)	2 (33.3%)	
40-49	30 (18.5%)	26 (18.8%)	4 (22.2%)	0 (0.0%)	
50-59	18 (11.1%)	17 (12.3%)	0 (0.0%)	1 (16.7%)	
60-69	15 (9.3%)	11 (8.0%)	2 (11.1%)	2 (33.3%)	
70-79	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
80+	2 (1.2%)	2 (1.4%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
Isolation place					
Residential treatment center	78 (48.1%)	63 (45.7%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.619
Hospital	81 (50.0%)	73 (52.9%)	6 (33.3%)	2 (33.3%)	
Home treatment	2 (1.2%)	1 (0.7%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
Others*	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	

* Death before COVID-19 confirmation; ** χ^2 test

Table 3. Clinical characteristics of VOCs in Korea

	Total	501Y.V1 (originating from the UK)	501Y.V2 (originating from the South Africa)	501Y.V3 (originating from the Brazil)	p-value*
Total	162 (100.0%)	138 (85.2%)	18 (11.1%)	6 (3.7%)	
Symptom					
Symptomatic	100 (61.7%)	85 (61.6%)	11 (61.1%)	4 (66.7%)	0.967
Asymptomatic	62 (38.3%)	53 (38.4%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
Symptom classification					
Fever only	18 (11.1%)	11 (8.0%)	6 (33.3%)	1 (16.7%)	0.027
Fever and respiratory symptoms	27 (16.7%)	27 (19.6%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	
Fever and other symptoms	8 (4.9%)	6 (4.3%)	2 (11.1%)	0 (0.0%)	
Respiratory symptoms without fever	37 (22.8%)	33 (23.9%)	2 (11.1%)	2 (33.3%)	
Acute loss of sense of smell or taste	2 (1.2%)	1 (0.7%)	1 (5.6%)	0 (0.0%)	
Others	8 (4.9%)	7 (5.1%)	0 (0.0%)	1 (16.7%)	
Asymptomatic	62 (38.3%)	53 (38.4%)	7 (38.9%)	2 (33.3%)	
Severity					
Severe/critical	4 (2.5%)	4 (2.9%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0.924
Mild/asymptomatic	157 (96.9%)	133 (96.4%)	18 (100.0%)	6 (100.0%)	
Death	1 (0.6%)	1 (0.7%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	

* χ^2 test

국내 코로나19 변이 바이러스 집단발병 사례 보고

질병관리청 호남권질병대응센터 감염병대응과 김은영, 박신영, 이선영, 유정희
 경남권질병대응센터 감염병대응과 이현주, 류보영, 정세진, 지미경
 수도권질병대응센터 감염병대응과 김나영, 현정희, 김미영
 중앙방역대책본부 역학조사팀 김영만, 박영준*

*교신저자 : pahmun@korea.kr

초 록

2020년 12월 국내 입국한 해외여행자에서 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1.)가 첫 확인된 이후 3월 1일까지 총 162건의 주요 변이 바이러스(Variant of Concern, VOC) 사례가 확인되었다. 본 보고서에서는 이 중 국내 지역사회에서 전파가 이루어진 사례들의 발생 양상과 감염경로, 지역사회 변이 바이러스 감시 강화 결과를 기술하고자 하였다. 3월 1일까지 확인된 변이 바이러스 국내 집단사례는 5건이었다. 이 중 세부 역학조사가 진행된 집단사례는 3건으로 경남, 전남, 경기도에 거주하는 외국인 가족, 친척들에서 8~39명 규모의 집단사례가 확인되었다. 3건의 집단사례 간의 역학적 관련성은 확인되지는 않았다. 이러한 변이 바이러스 감염 여부가 확인된 이후 실시한 지역사회 감시 강화를 통해 최초 조사된 접촉자에서 추가로 630명에 대해 추적관리를 한 결과 1명의 변이 바이러스 확진자를 추가로 확인할 수 있었다. 변이 바이러스는 기존 바이러스보다 전파력이 높고, 백신으로 인한 면역효과가 떨어진 것으로 보고되고 있어 향후 코로나19 유행상황을 효과적으로 통제하기 위해서는 변이 바이러스에 대한 감시 확대, 환자와 접촉자 조사 및 관리 강화가 지속되어야 할 것이다.

주요 검색어 : 코로나바이러스감염증-19, 변이 바이러스, 해외유입

들어가는 말

2020년 12월과 2021년 1월 사이 영국, 남아프리카공화국, 브라질에서 보고된 Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus 2 (SARS-Cov2) 변이 바이러스는 전파력과 면역효과에 있어 기존 SARS-Cov2와 차이가 있다는 보고가 있어 각 국에서는 이에 대한 감시와 관리를 강화하고 있다[1,2].

국내에서는 해외 유입 및 국내 전파를 최소화하기 위해 1월부터 해외 입국자 대상 바이러스 감시 확대 및 격리 강화, 변이 바이러스 확진자 대상 치료시설 내 감염관리 강화, 확진자의 접촉자 조사 범위 및 진단검사 확대를 주요 내용으로 하는 관리 강화 조치를 시행하고 있다[3].

2021년 12월 국내 입국한 해외여행자에서 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1.)가 첫 확인된 이후 3월 1일까지 총 162건이 확인되었다[4]. 1월까지 국내에서 확인된 변이 바이러스 확진자는 해외유입사례 또는 해외유입사례의 동거 가족(5명)이었다. 2월 1일 동거 가족 이외 국내 접촉자에서 변이 바이러스 감염 사실이 처음 확인된 이후 지역사회 추가전파 최소화를 위해 감염경로 조사, 접촉자 재조사를 하였고, 확산 정도를 파악하기 위해 해당 발생지역을 대상으로 변이 바이러스 감시 강화를 진행하였다.

본 보고서는 향후 변이 바이러스 집단발생에서 역학조사 및 대응에 참고자료로 활용하기 위해 작성하였다.

몸 말

1. 조사대상 및 방법

주요 변이 바이러스 확진자는 SARS-Cov2 바이러스 전장유전체(Whole genome sequencing, WGS) 분석 결과 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1), 남아프리카 유래 변이 바이러스(501Y.V2), 브라질 유래 변이 바이러스(501Y.V3)가 확인된 사례이다[1]. 조사 대상은 3월 1일까지 국내에서 진단된 주요 변이 바이러스(Variant of Concern, VOC) 집단사례 5건 중 세부역학조사가 진행된 3건의 사례를 대상으로 하였다. 역학조사를 통해 파악한 확진자별 증상발생일, 활동력을 바탕으로 선행확진자의 전파가능 기간 동안 시간적, 공간적으로 접촉력이 확인된 경우 동일한 집단사례로 분류하였다[6]. 집단발생 확진자 중 변이 바이러스 ‘확정 사례’는 실험실 분석결과 변이 바이러스가 확인된 사례이며, ‘역학적 관련 사례’는 실험실 분석은 하지 않았지만 역학적으로 다른 감염원이 확인되지 않았고 변이 바이러스 감염자와 접촉력이 확인된 경우로 정의하였다.

2. 주요 내용

3월 1일까지 확인된 3건의 국내 집단발생 사례의 1) 발생 양상, 2) 감염 경로와 3) 지역사회 감시 강화 결과를 조사하였다.

1) 발생양상

집단1 지표환자는 2020년 12월 25일 해외에서 입국한 외국인으로 2021년 1월 7일 격리해제 전 검사에서 확진되었다(그림 1). 격리기간 중 자택에 방문한 전남 거주 친인척 포함 총 38명의 확진자가 1월 29일까지 발생하였다. 집단2 지표환자는 경기도 시흥시 거주 외국인으로 1월 29일 확진되었다. 이후 접촉자 조사를 통해 1월 30일까지 총 8명이 발생하였다. 집단3 지표환자는 경기도 여주시 거주 외국인으로 전남 거주 중 2월 10일 확진되었으며 2월 6일 친척모임 관련 총 31명의 확진자가 2월 23일까지 발생하였다. 강화된 지역사회 변이 바이러스 감시강화 중 집단1은 마지막 확진자 발생 3일 경과 시점, 집단 2는 마지막 확진자 발생 19일 경과 시점, 집단3은 첫 환자 발생 8일 경과 시점인 2월 18일 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)가 확인되었다. 3개 집단 모두 외국인, 가족 친척 모임을 통한 전파사례였다. 확진자의 대부분(95% 이상)이 동일 국적 외국인으로 집단사례 내에서의 감염경로 뿐 만 아니라 각 집단사례 간 전파 경로에 대한 조사도 시행하였다.

2) 감염경로

(1) 집단1(경남/전남 외국인 친인척 모임 관련)

지표환자가 자가격리 시기에 전남 거주 친인척이 방문하여 지표환자의 동거가족과 만남이 있었고 이후 방문자와 거주지

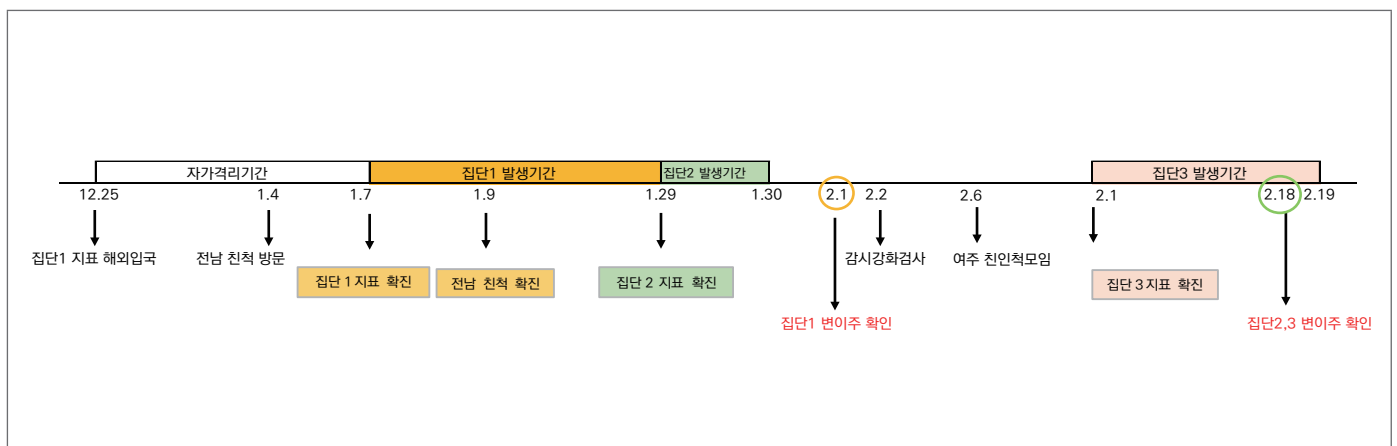


그림 1. 변이 바이러스 확인 집단의 유행발생 흐름도

표 1. 변이 바이러스가 확인된 집단사례 현황('21.3.1일 기준)

구분	사례명	환자발생기간 (진단일 기준)	발생현황			추정감염 경로
			전체 (외국인)	변이확정 사례 ¹⁾	역학적 관련사례 ²⁾	
집단1	경남/전남 외국인 친척모임 관련	1.7-1.29.	38 (38)	13 (영국 유래 변이 바이러스 (501Y.V1))	25	해외유입
집단2	경기 시흥시 일가족 관련	1.29-1.30.	8 (8)	7 (영국 유래 변이 바이러스 (501Y.V1))	1	외국인 커뮤니티 관련
집단3	경기 여주시 친척모임2 관련	2.10-2.23.	31 (31)	7 (영국 유래 변이 바이러스 (501Y.V1))	24	외국인 커뮤니티 관련

¹⁾변이 확정사례 : 변이 바이러스 분석 결과 변이(영국, 남아공, 브라질)가 확인된 사례²⁾역학적 관련사례 : 변이 바이러스 분석은 하지 않았지만, 역학적으로 다른 감염원이 확인되지 않은 상황에서 변이 바이러스 감염자와 접촉력이 확인된 경우

전남에서 가족 및 친인척이 추가 확진되었다. 지표환자는 장기체류 외국인으로 입국 후 시행한 PCR 검사 결과 음성으로 자택(단독주택 2층)에서 격리되었다. 가족과 직접적인 접촉은 없었다고 진술하였으나 내부가 분리되지 않았고, 가족의 확진 및 자택에 방문한 친인척이 확진되어 가족 간 노출가능성이 있었을 것으로 추정되었다. 변이 바이러스가 발견된 경남/전남의 외국인 확진자들은 12월부터 해외 출입국 기록은 없었으며 대부분 자동차 부품 및 폐차 수출업에 종사하고 있었다. 경남/전남 외국인 친척모임 관련

총 38명의 확진자 중 변이 확정사례는 13명, 역학적 관련 사례는 25명이었다(표1).

(2) 집단2(경기도 시흥시 일가족 관련)

지표환자는 경기도 시흥시에 거주하는 외국인으로 1월 29일 확진되었다(그림 1). 이후 접촉자 조사를 통해 가족 7명이 추가확진되어 총 8명의 확진자가 발생하였다. 이들 사례의 경우 기존 경남/

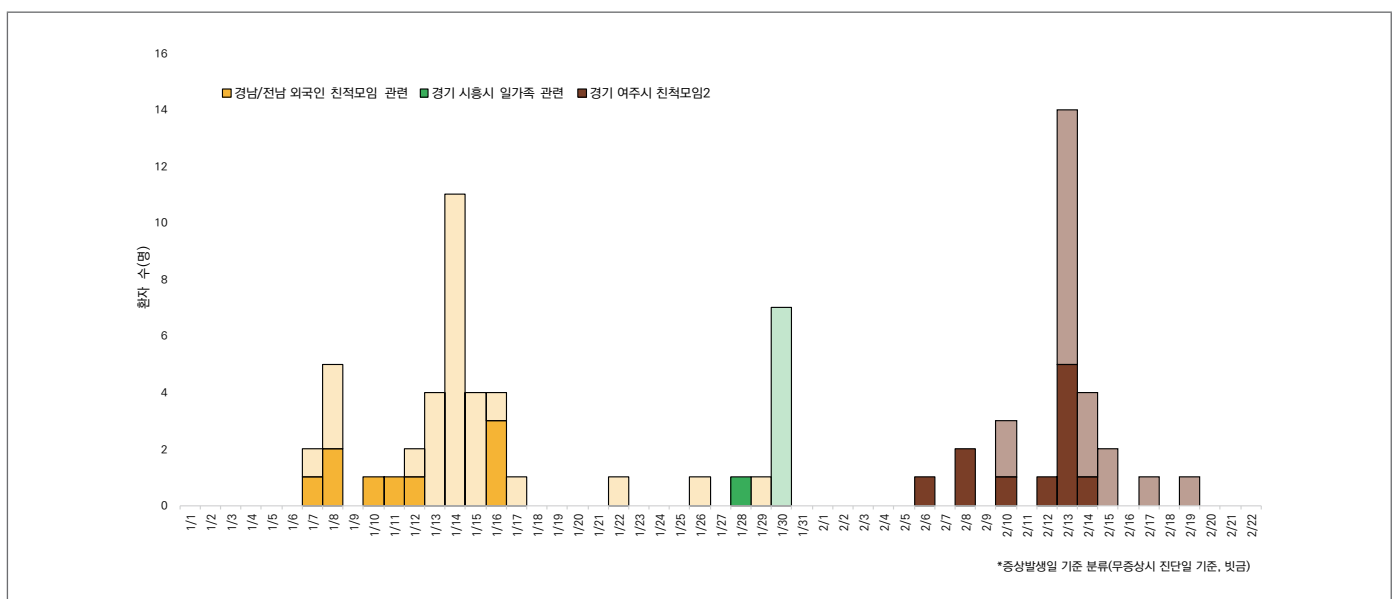


그림 2. 변이 바이러스 집단발생사례 유행곡선

표 2. 변이 바이러스 집단사례 관련 지역사회 감시강화 결과

(단위: 명)

구분	대상자 구분	검사 완료자	음성자	양성자
접촉자	자가격리	52	52	0
	능동감시	53	53	0
	수동감시	14	14	0
접촉가능자	직장	383	383	0
	기타(외국인선제검사 포함)	128	127	1
	합계	630	629	1

전남 외국인 친인척 모임과 동일 국적 외국인이며 동일 생활권 내 동종업종에 종사하고 있었지만 직접적인 연관성은 확인되지 않았다. Global positioning system(GPS) 확인 결과 접촉자 조사기간 내 자택과 직장 외 특이 동선은 확인되지 않았으며 8명 모두 최근 해외출입국 기록은 없었다.

(3) 집단3(경기도 여주시 친인척모임 관련)

지표환자 확진에 따른 접촉자 조사 중 여주시에서 2월 6일 친인척 모임이 있었음을 확인하였고 모임 참석자 및 관련 친인척이 추가 확진되었다(그림2). 지표환자가 확진 시 전남에서 함께 거주한 전남 친인척은 지표환자의 이모가족으로 동거가족 8명 모두 추적관리 중 확진되었다. 이모가족은 기존 경남/전남 집단 발생 시 접촉자는 아니었으나 2월 1일 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)가 확인됨에 따라 외국인 선제검사가 시행되었고 당시 모두 음성이었다. 역학조사 결과 해당 집단 확진자들은 최근 해외 입국력은 없었으나 기존 두 집단과 동일 국적의 외국인들로 동종 업종에 종사하고 있었다. 총 31명의 확진자가 발생하였으며, 이 중 변이 확정 사례는 7명, 역학적 관련 사례는 24명이었다(표1).

3. 지역사회 감시강화 결과

경남/전남 외국인 친인척 집단발생 사례에서 변이 바이러스가 2월 1일 첫 확인된 후 접촉자 관리 상황을 재점검하고 추가로 확인된 접촉자와 접촉 가능자에 대해서 진단 검사를 확대 시행하였다.

접촉자는 접촉 정도에 따라 자가격리, 능동감시, 수동감시로 구분하고 추가 검사하였다. 추가검사는 격리해제 전 검사, 증상 유무와 관계없이 1회 일제검사가 시행되었으며 더불어 접촉 가능자에 대해 증상 유무와 관계없이 선제적 검사를 시행하였다. 그 결과 3개의 집단 사례의 630명이 검사완료 하였다. 이 중 경남/전남 외국인 친인척 모임 관련 1명 추가 확진 되었으며, 이 사례는 집단1 확진자와 역학적 관련성은 확인되지 않았다(표2).

맺는말

변이 바이러스 관련 국내 집단사례는 1월 중 경남 김해, 전남 나주, 1월 말 경기 시흥, 2월 중순 이후 경기 여주와 전남 나주에서 확인되었다. 모두 외국인으로 구성된 집단이고 친인척 모임을 통해 주로 전파가 이루어졌다.

집단1의 경우 해외유입 사례를 통해 전파된 것으로 추정되었으나 나머지 2건의 집단사례는 근원환자를 파악하지 못하였다. 다만 각각의 집단사례들은 서로 친척관계나 지인 관계가 아니라고 하였으나 대다수(95% 이상)가 동일한 국적의 외국인들이라는 점과 집단1과 집단2의 사례 중 일부는 같은 지역에서 생활하고 있고, 집단2 사례와 집단3 사례도 경기도 내 동일 생활권에 거주하는 것을 고려했을 때 동일 국적자 외국인 커뮤니티를 통해 전파되었을 가능성도 있다.

지역사회 감시강화 결과 밀접접촉자 이외에는 추가 확진자가

확인되지 않은 점은 해당 지역에 광범위하게 확산되지 않았음을 의미한다고 할 수 있다. 한편, 기존 사례들과 접촉력이 확인되지 않은 외국인에서 변이 바이러스가 추가로 확인된 점은 다른 감염경로에 의한 전파가 진행되고 있을 가능성도 제기할 수 있다.

외국인 대상 역학조사 시 언어소통이 원활하지 못하고, 휴대전화 미소지 등으로 GPS를 통한 동선 확인이 어려워 심층조사 시 다양한 정보 수집에 제한이 있었다. 외국인 확진자 발생 시 통역지원 및 다국어 역학조사서의 활용을 통한 정보 수집이 필요하다. 또한 변이 바이러스에 대한 지역사회 감시강화 및 외국인 집단발병 사례에 대한 신속한 변이 바이러스 검사가 필요하다.

참고문헌

1. WHO. Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports [2021 Mar 2]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2020/situation-reports>
2. Summer, E. Gallerway et al. Emergence of SARS-CoV-2 B.1.1.7 Lineage, Morbidity Mortality Weekly Report (MMWR). 2020;70(3):95-99.
3. 질병관리청. 코로나바이러스감염증-19 검역대응지침(9-4판)
4. Coronavirus Disease-19, Republic of Korea, <http://ncov.mohw.go.kr>
5. 질병관리청. 코로나바이러스감염증-19 검역대응지침(9-4판)
6. 질병관리청. 코로나바이러스감염증-19 대응지침 9-5판(지자체용)

① 이전에 알려진 내용은?

2020년 12월과 2021년 1월 사이 영국, 남아프리카공화국, 브라질에서 보고된 Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus 2 (SARS-Cov2) 변이 바이러스는 전파력과 면역효과에 있어 기존 SARS-Cov2와 차이가 있다는 보고가 있어 각국에서는 이에 대한 감시와 관리를 강화하고 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2020년 12월 국내 입국한 해외여행자에서 영국 유래 변이 바이러스(501Y.V1)가 첫 확인된 이후 3월 1일까지 총 162건의 주요 변이 바이러스(Varinat of Concern, VOC) 사례가 확인되었다. 3월 1일까지 확인된 변이 바이러스 국내 집단사례는 5건이었다. 이 중 세부 역학조사가 진행된 집단사례는 3건으로 경남, 전남, 경기도에 거주하는 외국인 가족, 친척들에서 8~39명 규모의 집단사례가 확인되었다. 3건의 집단사례 간의 역학적 관련성은 확인되지는 않았다. 이러한 변이 바이러스 감염 여부가 확인된 이후 실시한 지역사회 감시 강화를 통해 최초 조사된 접촉자에서 추가로 630명에 대해 추적관리를 한 결과 1명의 변이 바이러스 확진자를 추가로 확인할 수 있었다.

③ 시사점은?

변이 바이러스는 기존 바이러스보다 전파력이 높고, 백신으로 인한 면역 효과가 떨어진 것으로 보고되고 있어 향후 코로나19 유행상황을 효과적으로 통제하기 위해서는 변이 바이러스에 대한 감시 확대, 환자와 접촉자 조사 및 관리 강화가 지속되어야 할 것이다.

Abstract

Cases of outbreaks caused by COVID-19 variant in the Republic of Korea

Kim Eun-Young, Park Shin Young, Lee Seon-Young, Yu Jeong-Hee

Honam Regional Center for Disease control and prevention, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Lee Hyunju, Ryu Boyeong, Jeong, Se-Jin, JI MI GYEONG

Gyeongnam Regional Center for Disease control and prevention, KDCA

Kim Na-young, Hyun Junghee, Kim Miyong

Capital Regional Center for Disease control and prevention, KDCA

Kim Youngman, Park Young Joon

Epidemic Investigation Team, Epidemiological Investigation and Analysis Task Force, KDCA

In December 2020, a mutant virus originating from the UK was first identified in overseas travelers who entered Korea. Thereafter, until March 1, a total of 162 cases of Variants of Concern(VOCs) have been confirmed. There were 5 cases of VOCs in the cluster outbreaks confirmed by March 1st. Of these, three cases were conducted in detailed epidemiological investigations.

The purpose of this report was to describe the propagation pathways and epidemiological relationships between groups, and to report on the results of contact follow-up management.

This report recommended responding to the occurrence of confirmed patients in groups with high possibilities of carrying a variant and establishing measures to prevent the spread of the local community.

Keyword: COVID19, Variant, inflow from abroad

Table 1. Status of variants identification among clusters (as of March 21, 2021)

Case name	Outbreak period (confirmed date)	Status			Putative infection Route
		Total (foreigner)	Confirmed cases ¹⁾	Epidemiological related cases ²⁾	
Cluster1 Gyeongnam/Jeonnam Foreign Relatives gathering	1.7–1.29.	38 (38)	13 (UK Variant (501Y.V1))	25	Overseas inflow
Cluster2 Family related to Siheung-si, Gyeonggi-do	1.29–1.30.	8 (8)	7 (UK Variant (501Y.V1))	1	Foreign community related
Cluster3 Related to Relatives gathering 2 in Yeoju, Gyeonggi-do	2.10–2.23.	31 (31)	7 (UK Variant (501Y.V1))	24	Foreign community related

1) Variant confirmed cases: A case of confirmed mutant strains (UK, South Africa, Brazil) as a result of the virus analysis

2) Epidemiological related cases: The mutant virus analysis was not performed, but the contact history with the mutant virus infected person was confirmed in a situation where no other infectious source was identified epidemiologically.

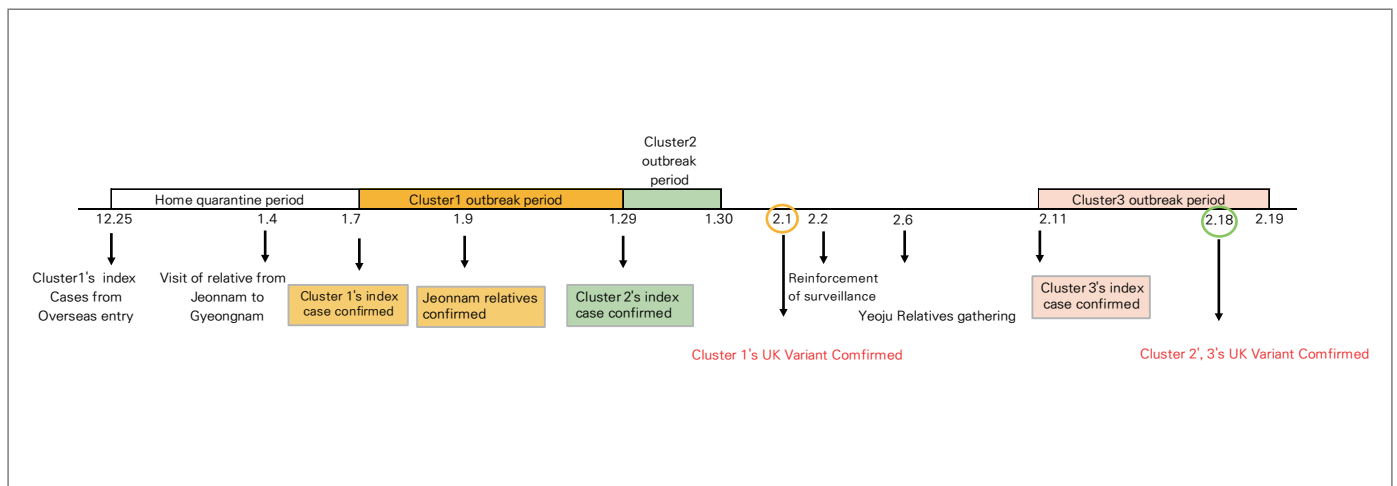


Figure 1. A timeline of the COVID-19 variants group

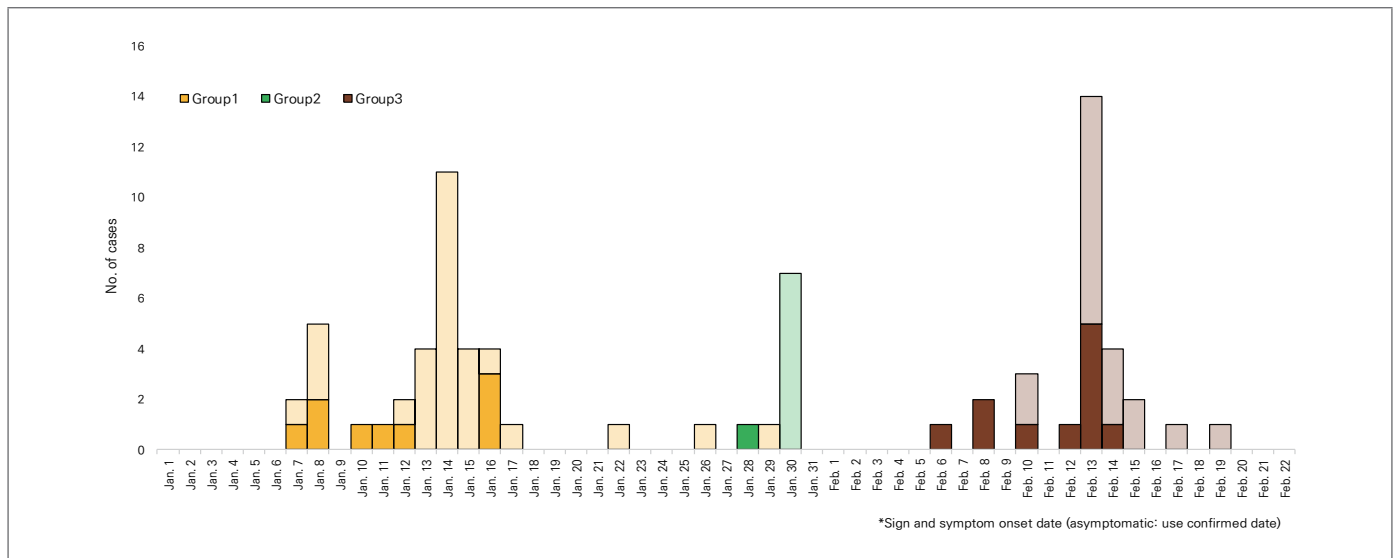


Figure 2. Epidemic curve of the outbreak

Table 2. Results of strengthening community monitoring

Target group		Test (RT-PCR)	Negative	Positive
management group	quarantine	52	52	0
	Active monitoring	53	53	0
	Passive monitoring	14	14	0
preemptive test group	Workplace	383	383	0
	Others (foreigner preemptive test)	128	127	1
Total		630	629	1

1.1 환자감시 : 전수감시 감염병 주간 발생 현황 (12주차)

표 1. 2021년 12주차 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)*

단위 : 보고환자수†

감염병 [†]	금주	2021년 누계	5년간 주별 평균 [§]	연간현황					금주 해외유입현황 : 국가명(신고수)
				2020	2019	2018	2017	2016	
제2급감염병									
결핵	399	4,437	512	19,933	23,821	26,433	28,161	30,892	
수두	349	3,914	847	31,355	82,868	96,467	80,092	54,060	
홍역	0	0	2	6	194	15	7	18	
콜레라	0	0	0	0	1	2	5	4	
장티푸스	5	35	3	43	94	213	128	121	
파라티푸스	0	5	1	65	55	47	73	56	
세균성이질	0	4	2	30	151	191	112	113	
장출혈성대장균감염증	0	14	1	282	146	121	138	104	
A형간염	112	1,013	137	3,906	17,598	2,437	4,419	4,679	
백일해	0	10	4	124	496	980	318	129	
유행성이하선염	218	1,805	274	9,901	15,967	19,237	16,924	17,057	
풍진	0	0	0	2	8	0	7	11	
수막구균 감염증	0	0	1	5	16	14	17	6	
폐렴구균 감염증	3	53	10	343	526	670	523	441	
한센병	0	1	0	3	4				
성홍열	20	194	249	2,292	7,562	15,777	22,838	11,911	
반코마이신내성황색 포도알균(VRSA) 감염증	0	0	0	9	3	0	0	-	
카바페넴내성장내세균 속균종(CRE) 감염증	226	3,763	175	17,855	15,369	11,954	5,717	-	
E형간염	8	72	-	189	-	-	-	-	
제3급감염병									
파상풍	1	4	0	31	31	31	34	24	
B형간염	4	92	7	380	389	392	391	359	
일본뇌염	0	0	0	7	34	17	9	28	
C형간염	134	2,339	159	11,819	9,810	10,811	6,396	-	
말라리아	4	7	1	389	559	576	515	673	
레지오넬라증	5	64	5	340	501	305	198	128	
비브리오패혈증	0	1	0	71	42	47	46	56	
발진열	0	2	0	6	14	16	18	18	
쯔쯔가무시증	6	146	12	4,442	4,005	6,668	10,528	11,105	
렙토스피라증	1	17	1	141	138	118	103	117	
브루셀라증	0	2	0	9	1	5	6	4	
신증후군출혈열	3	41	3	274	399	433	531	575	
후천성면역결핍증(AIDS)	20	138	19	821	1,005	989	1,008	1,060	
크로이츠펔트-야콥병(CJD)	1	36	1	81	53	53	36	42	
댕기열	0	0	2	42	273	159	171	313	
큐열	2	7	2	73	162	163	96	81	
라임병	0	0	0	7	23	23	31	27	
유비저	0	0	0	1	8	2	2	4	
치쿤구니야열	0	0	0	1	16	3	5	10	
중증열성혈소판감소 증후군(SFTS)	0	0	0	241	223	259	272	165	
지카바이러스감염증	0	0	0	0	3	3	11	16	

* 2020년·2021년 통계는 변동가능한 잠정통계이며, 2021년 누계는 1주부터 금주까지의 누계를 말함

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 미포함 질병: 에볼라바이러스병, 마버그열, 라싸열, 크리미안콩고출혈열, 남아메리카출혈열, 리프트밸리열, 두창, 페스트, 탄저, 보툴리눔독소증, 야토병, 신종감염병증후군, 중증급성호흡기증후군(SARS), 중증호흡기증후군(MERS), 동물인플루엔자 인체감염증, 신종인플루엔자, 디프테리아, 폴리오, b형헤모필루스인플루엔자, 발진티푸스, 공수병, 황열, 웨스트나일열, 진드기매개뇌염

§ 최근 5년(2016~2020년)의 해당 주의 신고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 신고 건수(총 25주) 평균임

표 2. 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	결핵			수두			홍역			콜레라		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	399	4,437	5,878	349	3,914	14,460	0	0	19	0	0	0
서울	63	719	1,060	49	526	1,614	0	0	2	0	0	0
부산	27	299	410	4	259	800	0	0	1	0	0	0
대구	19	221	276	24	182	747	0	0	2	0	0	0
인천	15	229	316	21	216	755	0	0	1	0	0	0
광주	14	105	150	9	152	595	0	0	0	0	0	0
대전	8	110	128	6	103	404	0	0	1	0	0	0
울산	6	78	119	7	74	393	0	0	0	0	0	0
세종	0	26	20	9	52	127	0	0	9	0	0	0
경기	85	994	1,266	102	1,091	3,890	0	0	0	0	0	0
강원	13	173	256	9	115	388	0	0	0	0	0	0
충북	13	139	178	8	127	375	0	0	0	0	0	0
충남	26	238	277	16	151	568	0	0	0	0	0	0
전북	14	168	235	24	156	586	0	0	0	0	0	0
전남	34	258	300	20	185	626	0	0	1	0	0	0
경북	34	343	427	9	185	777	0	0	1	0	0	0
경남	22	292	382	25	275	1,384	0	0	1	0	0	0
제주	6	45	79	7	65	431	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	장티푸스			파라티푸스			세균성이질			장출혈성대장균감염증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	5	35	39	0	5	9	0	4	35	0	14	7
서울	0	1	9	0	0	2	0	0	8	0	2	2
부산	0	5	4	0	1	1	0	0	2	0	0	0
대구	0	0	1	0	2	1	0	0	3	0	0	1
인천	0	1	3	0	0	1	0	0	3	0	0	0
광주	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1
대전	0	2	2	0	0	0	0	0	1	0	1	0
울산	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0
세종	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	1	7	9	0	1	2	0	0	7	0	6	2
강원	0	0	1	0	0	0	0	0	1	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	2	0	1	0
전북	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
전남	0	1	1	0	1	1	0	3	2	0	0	0
경북	0	4	1	0	0	0	0	0	3	0	1	0
경남	4	12	3	0	0	0	0	0	1	0	1	1
제주	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병											
	A형간염			백일해			유행성이하선염			풍진		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	112	1,013	1,079	0	10	80	218	1,805	2,720	0	0	0
서울	40	208	192	0	1	13	25	225	296	0	0	0
부산	0	13	28	0	0	4	6	101	157	0	0	0
대구	1	12	19	0	0	3	9	74	94	0	0	0
인천	5	74	83	0	1	8	8	78	125	0	0	0
광주	1	21	17	0	0	4	9	65	128	0	0	0
대전	1	34	112	0	0	3	5	55	76	0	0	0
울산	3	8	8	0	0	2	10	62	90	0	0	0
세종	0	7	15	0	0	3	2	14	14	0	0	0
경기	33	380	311	0	3	12	64	548	710	0	0	0
강원	3	17	25	0	0	0	9	69	106	0	0	0
충북	6	37	48	0	1	1	2	38	73	0	0	0
충남	6	84	91	0	0	2	12	86	123	0	0	0
전북	2	41	48	0	0	2	9	62	117	0	0	0
전남	5	33	24	0	0	7	15	73	114	0	0	0
경북	3	20	24	0	3	7	9	74	143	0	0	0
경남	1	11	27	0	1	8	16	142	316	0	0	0
제주	2	13	7	0	0	1	8	39	38	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제2급감염병						제3급감염병					
	수막구균 감염증			성홍열			파상풍			B형간염		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	0	0	2	20	194	2,845	1	4	1	4	92	77
서울	0	0	0	1	28	400	1	1	0	1	7	15
부산	0	0	0	1	11	223	0	0	0	0	3	5
대구	0	0	0	0	1	83	0	1	0	0	2	2
인천	0	0	0	0	7	135	0	0	0	0	3	4
광주	0	0	0	3	24	152	0	0	0	0	5	2
대전	0	0	0	0	2	96	0	1	0	0	2	3
울산	0	0	0	0	11	127	0	0	0	0	2	2
세종	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	1	8	54	778	0	0	0	2	32	19
강원	0	0	1	0	4	34	0	0	0	1	4	2
충북	0	0	0	0	4	51	0	0	0	0	1	2
충남	0	0	0	1	5	133	0	1	0	0	7	3
전북	0	0	0	2	3	96	0	0	0	0	3	3
전남	0	0	0	2	8	123	0	0	1	0	7	3
경북	0	0	0	1	9	148	0	0	0	0	6	4
경남	0	0	0	1	20	217	0	0	0	0	5	7
제주	0	0	0	0	3	36	0	0	0	0	3	1

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	일본뇌염			말라리아			레지오넬라증			비브리오패혈증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	0	0	0	4	7	13	5	64	58	0	1	0
서울	0	0	0	1	1	5	0	10	17	0	0	0
부산	0	0	0	1	1	0	0	1	3	0	0	0
대구	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0
인천	0	0	0	0	0	1	0	2	5	0	0	0
광주	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
대전	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
울산	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	0	2	3	5	0	13	14	0	0	0
강원	0	0	0	0	1	1	0	2	1	0	0	0
충북	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0
충남	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
전북	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	1	0
전남	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	0
경북	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0
경남	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0
제주	0	0	0	0	0	0	3	13	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제3급감염병											
	발진열			프프가무시증			렙토스피라증			브루셀라증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	0	2	0	6	146	142	1	17	8	0	2	0
서울	0	0	0	0	6	5	0	0	1	0	0	0
부산	0	0	0	0	8	8	0	1	0	0	0	0
대구	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0
인천	0	1	0	0	2	4	0	3	0	0	0	0
광주	0	0	0	0	5	2	0	0	1	0	0	0
대전	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0
울산	0	0	0	0	2	5	0	0	0	0	0	0
세종	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
경기	0	0	0	0	8	13	0	2	2	0	2	0
강원	0	0	0	0	1	4	0	1	0	0	0	0
충북	0	0	0	0	2	3	0	1	0	0	0	0
충남	0	0	0	1	8	11	0	3	1	0	0	0
전북	0	0	0	4	38	13	0	2	1	0	0	0
전남	0	0	0	1	39	31	0	1	1	0	0	0
경북	0	0	0	0	5	9	1	2	1	0	0	0
경남	0	0	0	0	10	26	0	0	0	0	0	0
제주	0	1	0	0	5	5	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

[†] 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

[‡] 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수†

지역	제3급감염병											
	신증후군출혈열			크로이츠펔트-야콥병(CJD)			뎅기열			큐열		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡	금주	2021년 누계	5년 누계 평균‡
전국	3	41	48	1	36	9	0	0	40	2	7	20
서울	0	1	3	0	5	3	0	0	13	0	0	1
부산	0	0	1	0	2	0	0	0	3	0	0	1
대구	0	2	0	0	4	0	0	0	3	0	0	0
인천	0	1	1	0	3	0	0	0	2	0	0	0
광주	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
대전	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
울산	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
세종	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
경기	1	6	16	0	10	2	0	0	12	0	1	4
강원	0	3	3	1	3	1	0	0	1	0	0	0
충북	0	1	2	0	0	0	0	0	1	0	0	4
충남	1	8	4	0	1	0	0	0	1	2	4	2
전북	0	9	4	0	1	1	0	0	0	0	0	2
전남	0	3	4	0	0	0	0	0	1	0	1	1
경북	0	3	7	0	1	1	0	0	1	0	1	1
경남	1	2	2	0	3	1	0	0	1	0	0	1
제주	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

표 2. (계속) 지역별 보고 현황(2021. 3. 20. 기준)(12주차)*

단위 : 보고환자수[†]

지역	제3급감염병								
	라임병			중증열성혈소판감소증후군(SFTS)			지카바이러스감염증		
	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]	금주	2021년 누계	5년 누계 평균 [‡]
전국	0	0	1	0	0	0	0	0	-
서울	0	0	1	0	0	0	0	0	-
부산	0	0	0	0	0	0	0	0	-
대구	0	0	0	0	0	0	0	0	-
인천	0	0	0	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	0	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	-

* 2021년 통계는 변동가능한 잠정통계임

† 각 감염병별로 규정된 신고범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고건을 포함함

‡ 최근 5년(2016~2020년)의 1주부터 해당 주까지 누계의 평균임

1.2 환자감시 : 표본감시 감염병 주간 발생 현황 (12주차)

1. 인플루엔자 주간 발생 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주 인플루엔자 표본감시(전국 200개 표본감시기관) 결과, 의사환자분율은 외래환자 1,000명당 2.0명으로 지난주(2.2명) 대비 감소

※ 2020-2021절기 유행기준은 5.8명/(1,000)

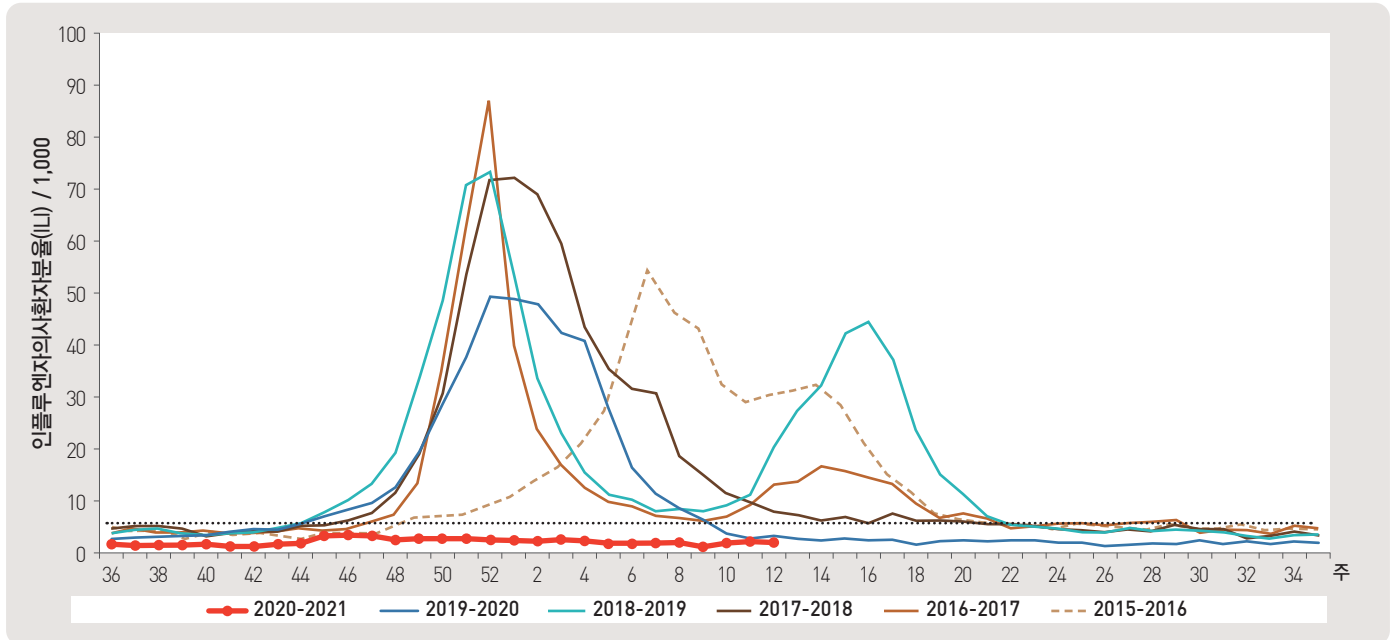


그림 1. 외래 환자 1,000명당 인플루엔자 의사환자 발생 현황

2. 수족구 발생 주간 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주차 수족구병 표본감시(전국 97개 의료기관) 결과, 의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 0.3명으로 전주 0.4명 대비 감소

※ 수족구병은 2009년 6월 법정감염병으로 지정되어 표본감시체계로 운영

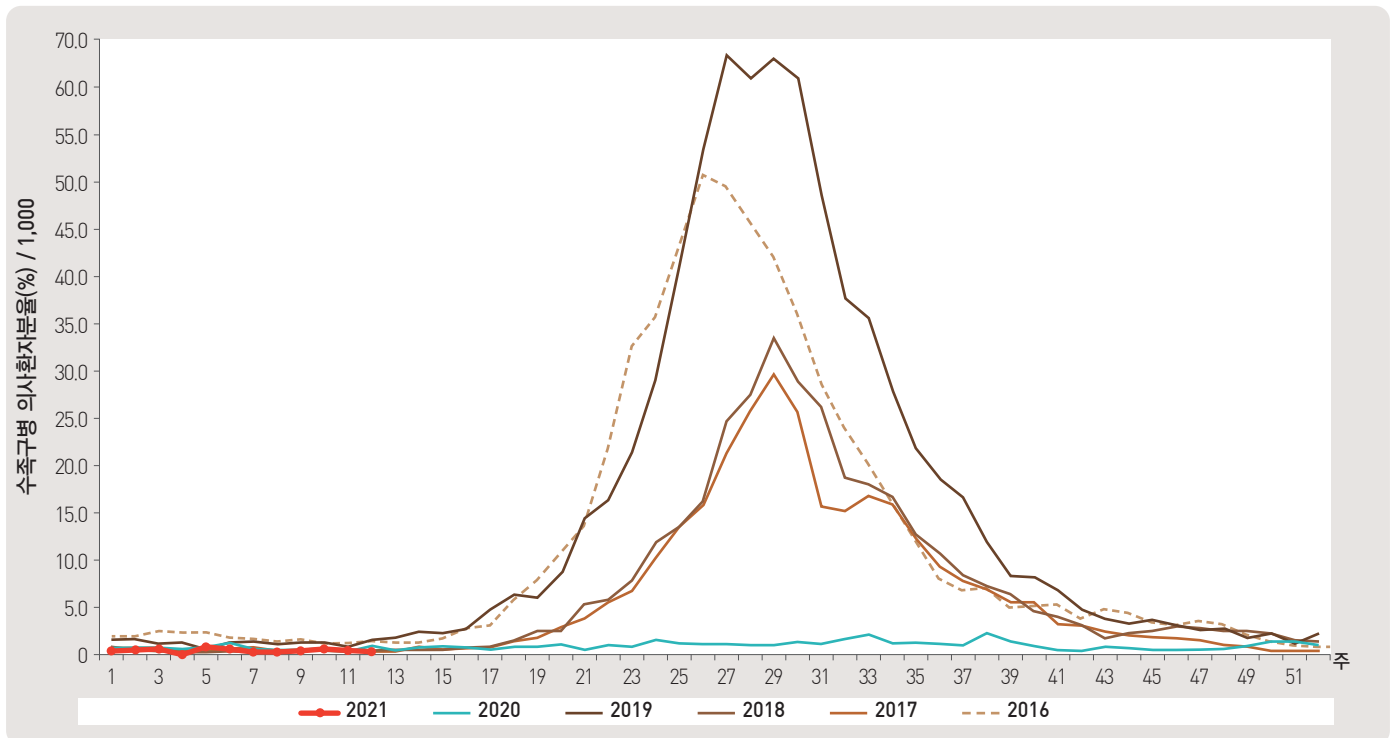


그림 2. 외래 환자 1,000명당 수족구 발생 현황

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

3. 안과 감염병 주간 발생 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주차 유행성각결막염 표본감시(전국 90개 의료기관) 결과, 외래환자 1,000명당 분율은 3.1명으로 전주 2.7명 대비 증가
- 동기간 급성출혈성결막염의 환자 분율은 0.4명으로 전주 0.2명 대비 증가

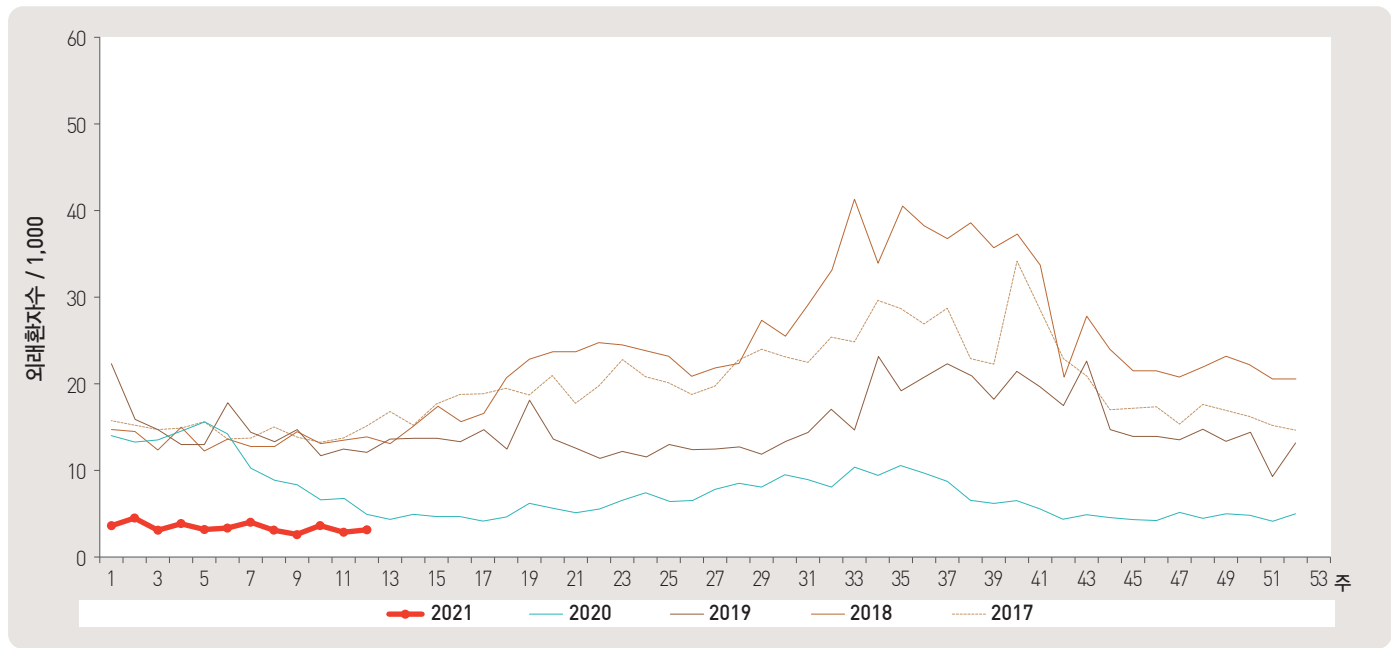


그림 3. 외래 환자 1,000명당 유행성각결막염 발생 현황

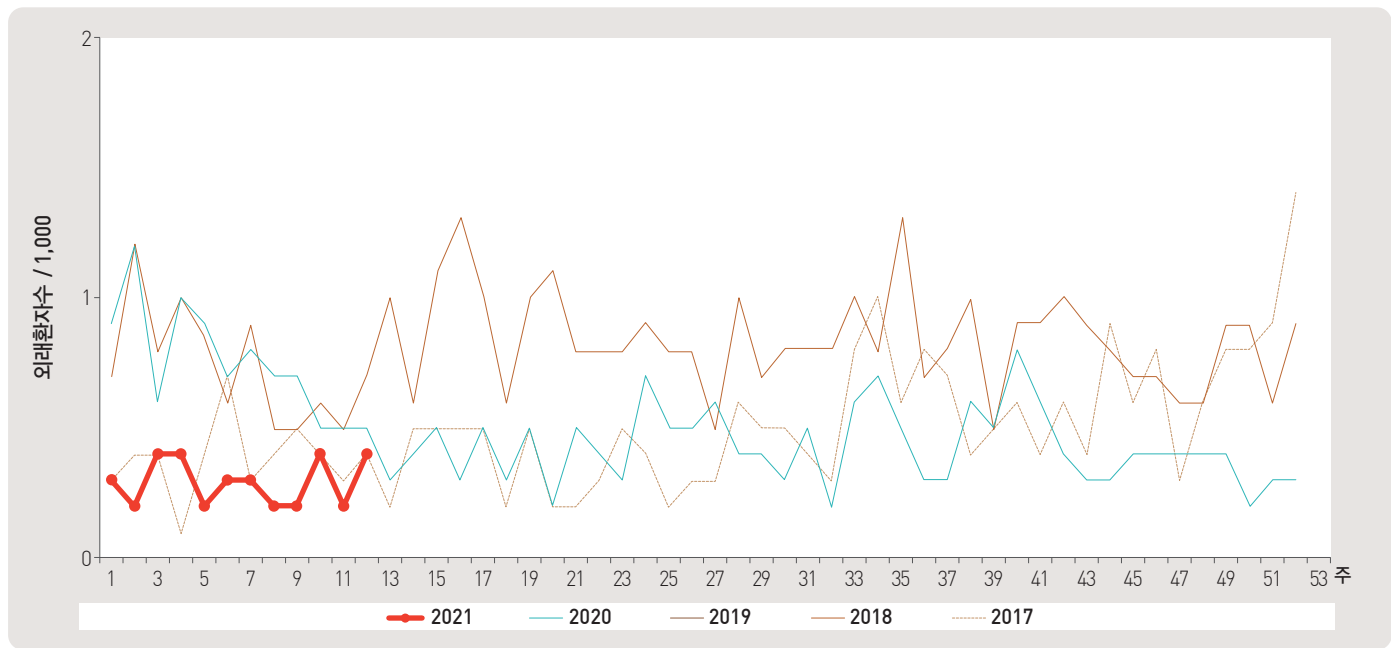


그림 4. 외래 환자 1,000명당 급성출혈성결막염 발생 현황

4. 성매개감염병 주간 발생 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주 성매개감염병 표본감시기관(전국 보건소 및 의료기관 588개 참여)에서 신고기관 당 사람유두종바이러스 감염증 4.3건, 성기단순포진 2.9건, 클라미디아감염증 2.0건, 침균콘딜롬 1.7건, 임질 1.1건, 1기 매독 1.0건, 2기 매독 1.0건, 선천성 매독 0.0건을 신고함.

* 제12주차 신고의료기관 수: 임질 18개, 클라미디아감염증 35개, 성기단순포진 35개, 침균콘딜롬 18개, 사람유두종바이러스 감염증 26개, 1기 매독 2개, 2기 매독 2개, 선천성 매독 0개

** 2020.1.1.일부터 사람유두종바이러스 감염증이 표본감시에 신설되었으며, 매독이 전수감시에서 표본감시로 변경됨

단위: 신고수/신고기관 수

임질			클라미디아 감염증			성기단순포진			침균콘딜롬		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]

1.1	3.0	3.7	2.0	7.5	9.3	2.9	11.7	11.9	1.7	7.1	7.2
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	------	------	-----	-----	-----

사람유두종바이러스감염증			1기			2기			선천성		
금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]	금주	2020년 누적	최근 5년 누적 평균 [§]

4.3	25.5	4.0	1.0	1.5	0.3	1.0	1.5	0.3	0.0	1.0	0.0
-----	------	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

누계: 매년 첫 주부터 금주까지의 보고 누계

† 각 질병별로 규정된 신고 범위(환자, 의사환자, 병원체보유자)의 모든 신고 건을 포함

§ 최근 5년('16-'20) 누적 평균(Cum, 5-year average): 최근 5년 1주차부터 금주까지 누적 환자 수 평균

1.3 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황 (12주차)

▣ 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 주간 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주에 집단발생이 12건(사례수 118명) 발생하였으며 누적발생건수는 80건(사례수 1,305명)이 발생함.

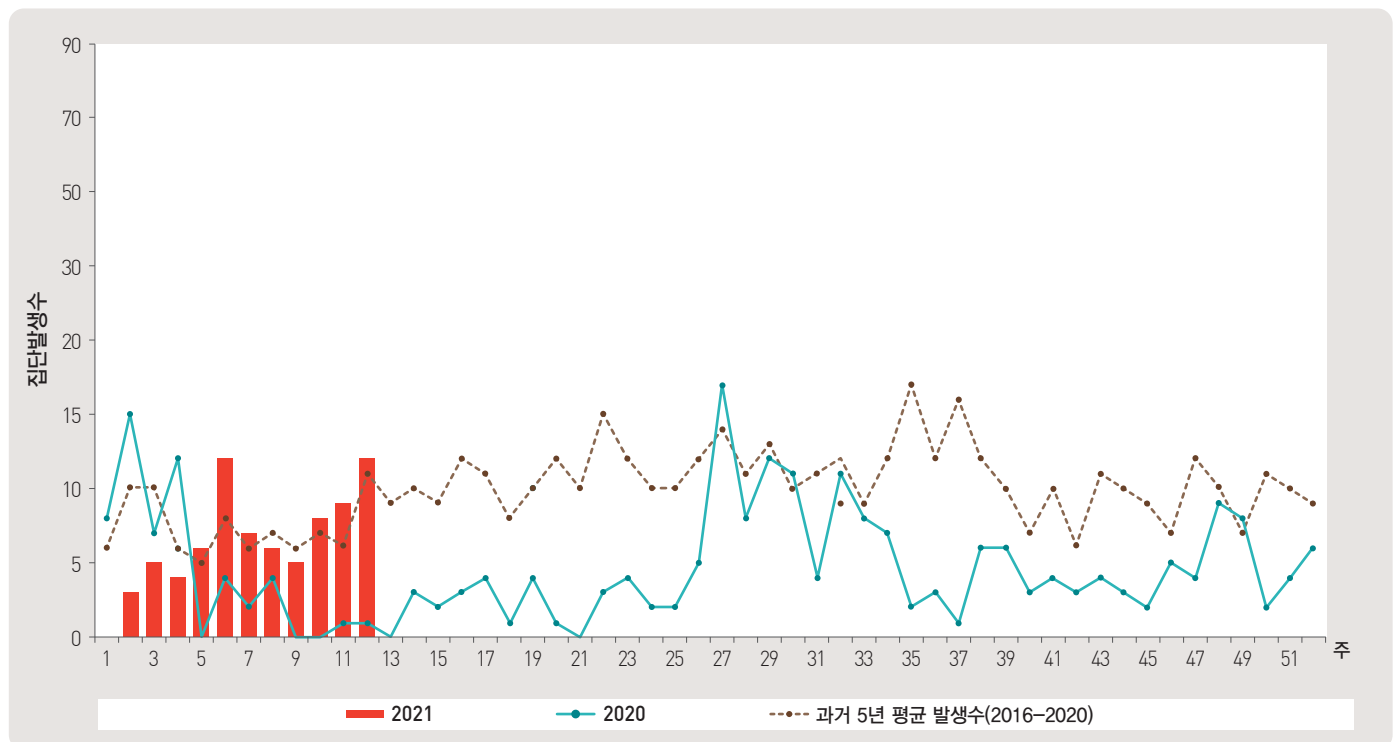


그림 5. 수인성 및 식품매개 감염병 집단발생 현황

2.1 병원체감시 : 인플루엔자 및 호흡기바이러스 주간 감시 현황(12주차)

1. 인플루엔자 바이러스 주간 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주에 전국 52개 감시사업 참여의료기관에서 의뢰된 호흡기검체 112건 중 양성 없음.

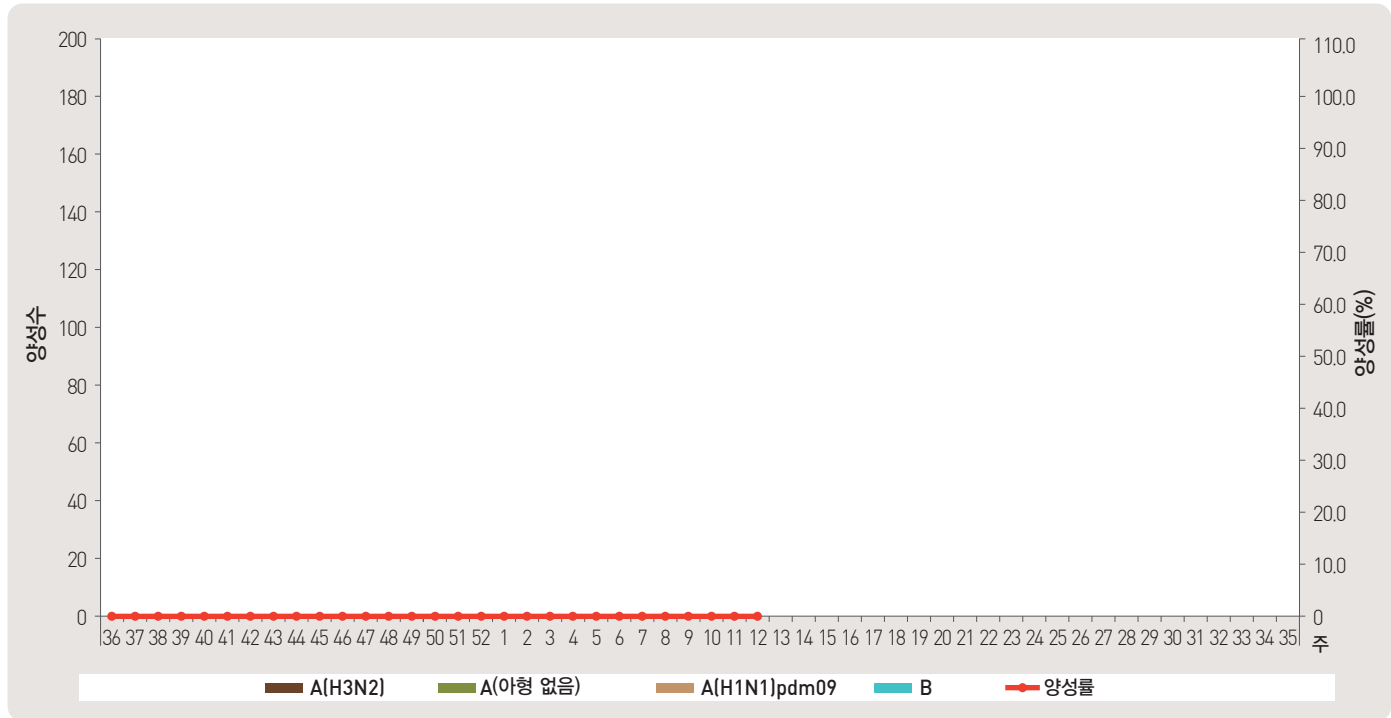


그림 6. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2. 호흡기 바이러스 주간 현황(12주차, 2021. 3. 20. 기준)

- 2021년도 제12주 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과 63.4%의 호흡기 바이러스가 검출되었음.
(최근 4주 평균 86개의 호흡기 검체에 대한 유전자 검사결과를 나타내고 있음)

※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2021 (주)	주별		검출률 (%)							
	검체 건수	검출률 (%)	아데노 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	인플루엔자 바이러스	코로나 바이러스	리노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스
9	72	41.7	12.5	0.0	0.0	0.0	0.0	20.8	8.3	0.0
10	77	45.5	7.8	0.0	0.0	0.0	0.0	27.3	10.4	0.0
11	82	47.6	4.9	0.0	0.0	0.0	0.0	36.6	6.1	0.0
12	112	63.4	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	49.1	7.1	0.0
Cum. ※	343	51.0	7.9	0.0	0.0	0.0	0.0	35.3	7.9	0.0
2020 Cum. ▽	5,819	48.6	6.5	0.4	3.1	12.0	3.4	18.4	3.5	1.4

※ 4주 누적 : 2021년 2월 21일 - 2021년 3월 20일 검출률임 (지난 4주간 평균 86개의 검체에서 검출된 수의 평균).

▽ 2020년 누적 : 2019년 12월 29일 - 2020년 12월 26일 검출률임.

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

2.2 병원체감시 : 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 감시 현황 (11주차)

▣ 급성설사질환 바이러스 및 세균 주간 검출 현황(11주차, 2021. 3. 13. 기준)

- 2021년도 제11주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원 및 70개 의료기관) 급성설사질환 원인 바이러스 검출 건수는 17건(34.0%), 세균 검출 건수는 13건(9.4%) 이었음.

◆ 급성설사질환 바이러스

주	검체수	검출 건수(검출률, %)					
		노로바이러스	그룹 A 로타바이러스	장내 아데노바이러스	아스트로바이러스	사포바이러스	합계
2021	8	85	36(42.4)	4(4.7)	0(0.0)	0(0.0)	40(47.1)
	9	68	19(27.9)	2(2.9)	0(0.0)	1(1.5)	24(35.3)
	10	65	11(16.9)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	11(16.9)
	11	50	15(30.0)	0(0.0)	0(0.0)	2(4.0)	17(34.0)
2021년 누적	750	273(36.4)	17(2.3)	7(0.9)	3(0.4)	2(0.3)	302(40.3)

* 검체는 5세 이하 아동의 급성설사 질환자에게서 수집됨.

◆ 급성설사질환 세균

주			검체수	분리 건수(분리율, %)								
				살모넬라균	병원성 대장균	세균성 이질균	장염 비브리오균	비브리오 콜레라균	캠필로 박터균	클라스트리дум 퍼프린젠스	황색 포도알균	바실러스 세레우스균
2021	8	218	1 (0.5)	2 (0.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.5)	5 (2.3)	8 (3.7)	3 (1.4)	20 (9.2)
	9	191	1 (0.5)	3 (1.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.5)	4 (2.1)	7 (3.7)	1 (0.5)	17 (8.9)
	10	175	0 (0.0)	3 (1.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.1)	2 (1.1)	4 (2.3)	5 (2.9)	16 (9.1)
	11	138	3 (3.3)	2 (1.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.4)	3 (2.2)	0 (0.0)	2 (1.4)	13 (9.4)
2021년 누적		2,076	21 (1.0)	33 (1.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	19 (1.0)	46 (2.2)	67 (3.2)	25 (1.2)	213 (10.3)

* 2020년 실험실 감시체계 참여기관(69개 의료기관)

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

2.3 병원체감시 : 엔테로바이러스 주간 감시 현황 (11주차)

▣ 엔테로바이러스 주간 검출 현황(11주차, 2021. 3. 13. 기준)

- 2021년도 제11주 실험실 표본감시(17개 시·도 보건환경연구원, 전국 60개 참여병원) 결과, 엔테로바이러스 검출률 0.0%(0건 양성/6검체), 2021년 누적 양성률 1.0%(1건 양성/100검체)임.
- 무균성수막염 0건(2021년 누적 1건), 수족구병 및 포진성구협염 0건(2021년 누적 0건), 합병증 동반 수족구 0건(2021년 누적 0건), 기타 0건(2021년 누적 0건)임.

◆ 무균성수막염

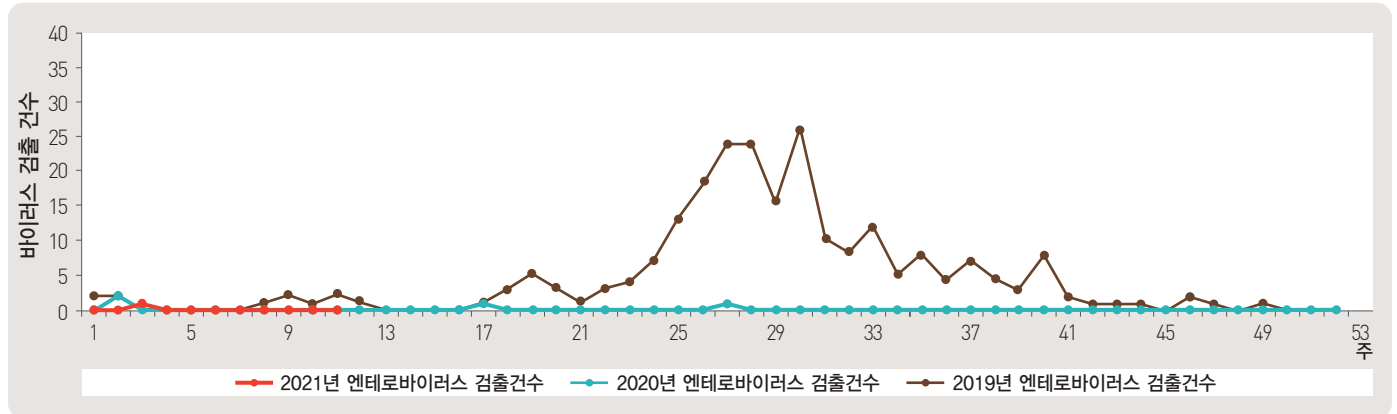


그림 7. 무균성수막염 바이러스 검출수

◆ 수족구병 및 포진성구협염

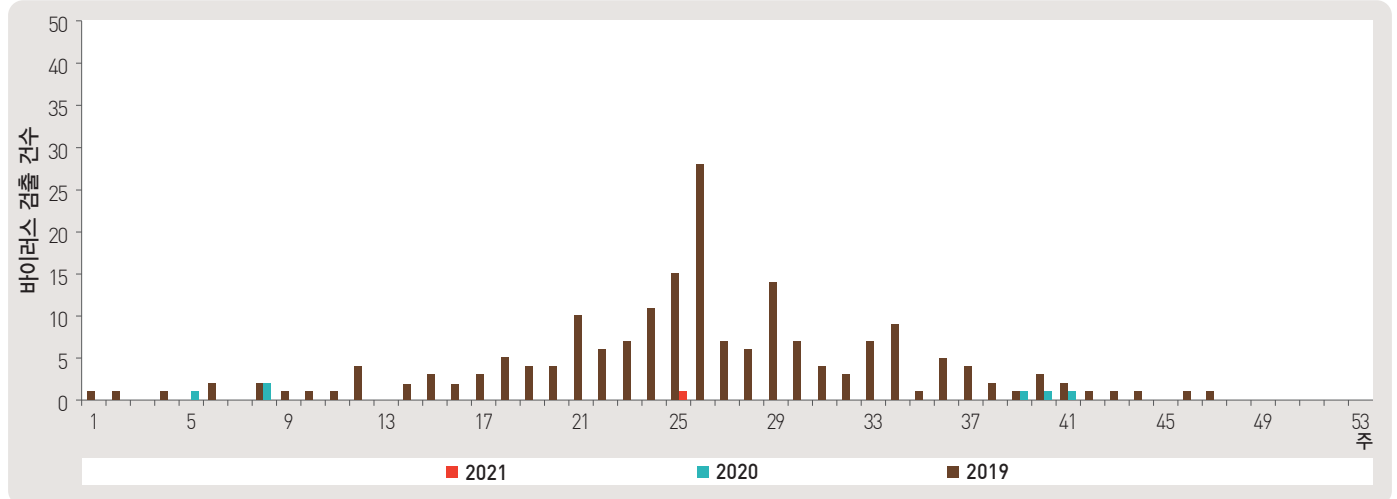


그림 8. 수족구 및 포진성구협염 바이러스 검출수

◆ 합병증 동반 수족구

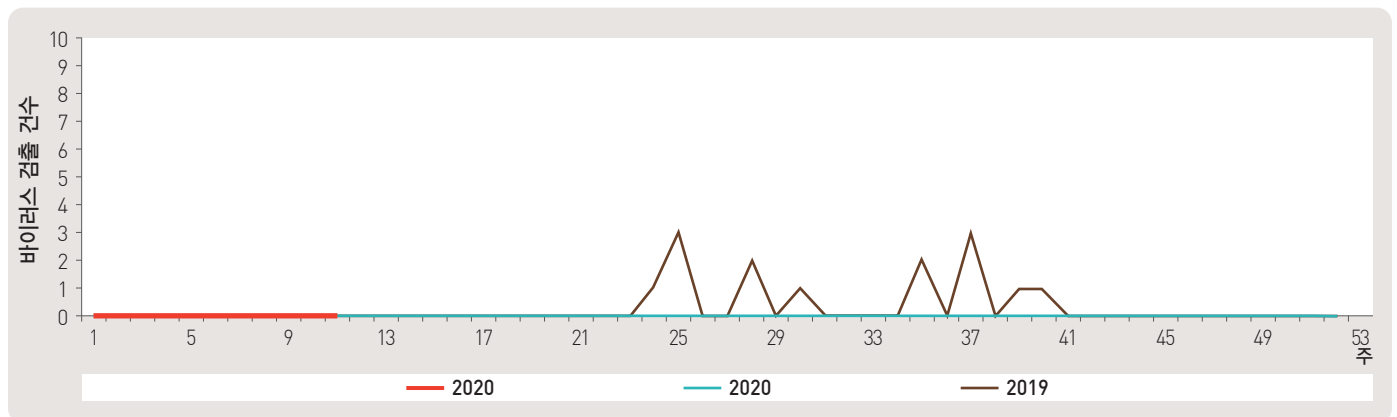


그림 9. 합병증 동반 수족구 바이러스 검출수

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

주요 통계 이해하기

〈통계표 1〉은 지난 5년간 발생한 법정감염병과 2021년 해당 주 발생현황을 비교한 표로, 금주 환자 수(Current week)는 2021년 해당 주의 신고건수를 나타내며, 2021년 누계 환자수(Cum, 2021)는 2021년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 지난 5년(2016-2020년) 해당 주의 신고건수와 이전 2주, 이후 2주의 신고건수(총 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) 2021년 12주의 5년 주 평균 환자수(5-year weekly average)는 2016년부터 2020년의 11주부터 14주까지의 신고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

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

	11주	11주	12주	13주	14주
			해당 주		
2021년					
2020년	X1	X2	X3	X4	X5
2019년	X6	X7	X8	X9	X10
2018년	X11	X12	X13	X14	X15
2017년	X16	X17	X18	X19	X20
2016년	X21	X22	X23	X24	X25

〈통계표 2〉는 17개 시·도 별로 구분한 법정감염병 보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)와 2021년 누계 환자수(Cum, 2021)를 비교해 보면 최근까지의 누적 신고건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 신고건수와 비교가 가능하다. 최근 5년 누계 평균 환자수(Cum, 5-year average)는 지난 5년(2016-2020년) 동안의 동기간 신고 누계 평균으로 계산된다.

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

Statistics of selected infectious diseases

Table 1. Reported cases of national infectious diseases in Republic of Korea, week ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases†

Classification of disease †	Current week	Cum. 2021	5-year weekly average	Total no. of cases by year					Imported cases of current week : Country (no. of cases)
				2020	2019	2018	2017	2016	
Category II									
Tuberculosis	399	4,437	512	19,933	23,821	26,433	28,161	30,892	
Varicella	349	3,914	847	31,355	82,868	96,467	80,092	54,060	
Measles	0	0	2	6	194	15	7	18	
Cholera	0	0	0	0	1	2	5	4	
Typhoid fever	5	35	3	43	94	213	128	121	
Paratyphoid fever	0	5	1	65	55	47	73	56	
Shigellosis	0	4	2	30	151	191	112	113	
EHEC	0	14	1	282	146	121	138	104	
Viral hepatitis A	112	1,013	137	3,906	17,598	2,437	4,419	4,679	
Pertussis	0	10	4	124	496	980	318	129	
Mumps	218	1,805	274	9,901	15,967	19,237	16,924	17,057	
Rubella	0	0	0	2	8	0	7	11	
Meningococcal disease	0	0	1	5	16	14	17	6	
Pneumococcal disease	3	53	10	343	526	670	523	441	
Hansen's disease	0	1	0	3	4				
Scarlet fever	20	194	249	2,292	7,562	15,777	22,838	11,911	
VRSA	0	0	0	9	3	0	0	–	
CRE	226	3,763	175	17,855	15,369	11,954	5,717	–	
Viral hepatitis E	8	72	–	189	–	–	–	–	
Category III									
Tetanus	1	4	0	31	31	31	34	24	
Viral hepatitis B	4	92	7	380	389	392	391	359	
Japanese encephalitis	0	0	0	7	34	17	9	28	
Viral hepatitis C	134	2,339	159	11,819	9,810	10,811	6,396	–	
Malaria	4	7	1	389	559	576	515	673	
Legionellosis	5	64	5	340	501	305	198	128	
Vibrio vulnificus sepsis	0	1	0	71	42	47	46	56	
Murine typhus	0	2	0	6	14	16	18	18	
Scrub typhus	6	146	12	4,442	4,005	6,668	10,528	11,105	
Leptospirosis	1	17	1	141	138	118	103	117	
Brucellosis	0	2	0	9	1	5	6	4	
HFRS	3	41	3	274	399	433	531	575	
HIV/AIDS	20	138	19	821	1,005	989	1,008	1,060	
CJD	1	36	1	81	53	53	36	42	
Dengue fever	0	0	2	42	273	159	171	313	
Q fever	2	7	2	73	162	163	96	81	
Lyme Borreliosis	0	0	0	7	23	23	31	27	
Melioidosis	0	0	0	1	8	2	2	4	
Chikungunya fever	0	0	0	1	16	3	5	10	
SFTS	0	0	0	241	223	259	272	165	
Zika virus infection	0	0	0	0	3	3	11	16	

Abbreviation: EHEC= Enterohemorrhagic Escherichia coli, VRSA= Vancomycin-resistant Staphylococcus aureus, CRE= Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, HFRS= Hemorrhagic fever with renal syndrome, CJD= Creutzfeldt–Jacob Disease, SFTS= Severe fever with thrombocytopenia syndrome.

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

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

‡ The reported surveillance data excluded no incidence data such as Ebola virus disease, Marburg Hemorrhagic fever, Lassa fever, Crimean Congo Hemorrhagic fever, South American Hemorrhagic fever, Rift Valley fever, Smallpox, Plague, Anthrax, Botulism, Tularemia, Newly emerging infectious disease syndrome, Severe Acute Respiratory Syndrome, Middle East Respiratory Syndrome, Human infection with zoonotic influenza, Novel Influenza, Diphtheria, Poliomyelitis, Haemophilus influenza type b, Epidemic typhus, Rabies, Yellow fever, West Nile fever and Tick-borne Encephalitis.

Table 2. Reported cases of infectious diseases by geography, week ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Tuberculosis			Varicella			Measles			Cholera		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	399	4,437	5,878	349	3,914	14,460	0	0	19	0	0	0
Seoul	63	719	1,060	49	526	1,614	0	0	2	0	0	0
Busan	27	299	410	4	259	800	0	0	1	0	0	0
Daegu	19	221	276	24	182	747	0	0	2	0	0	0
Incheon	15	229	316	21	216	755	0	0	1	0	0	0
Gwangju	14	105	150	9	152	595	0	0	0	0	0	0
Daejeon	8	110	128	6	103	404	0	0	1	0	0	0
Ulsan	6	78	119	7	74	393	0	0	0	0	0	0
Sejong	0	26	20	9	52	127	0	0	9	0	0	0
Gyeonggi	85	994	1,266	102	1,091	3,890	0	0	0	0	0	0
Gangwon	13	173	256	9	115	388	0	0	0	0	0	0
Chungbuk	13	139	178	8	127	375	0	0	0	0	0	0
Chungnam	26	238	277	16	151	568	0	0	0	0	0	0
Jeonbuk	14	168	235	24	156	586	0	0	0	0	0	0
Jeonnam	34	258	300	20	185	626	0	0	1	0	0	0
Gyeongbuk	34	343	427	9	185	777	0	0	1	0	0	0
Gyeongnam	22	292	382	25	275	1,384	0	0	1	0	0	0
Jeju	6	45	79	7	65	431	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

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

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

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Typhoid fever			Paratyphoid fever			Shigellosis			Enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i>		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	5	35	39	0	5	9	0	4	35	0	14	7
Seoul	0	1	9	0	0	2	0	0	8	0	2	2
Busan	0	5	4	0	1	1	0	0	2	0	0	0
Daegu	0	0	1	0	2	1	0	0	3	0	0	1
Incheon	0	1	3	0	0	1	0	0	3	0	0	0
Gwangju	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1
Daejeon	0	2	2	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Ulsan	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Sejong	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	1	7	9	0	1	2	0	0	7	0	6	2
Gangwon	0	0	1	0	0	0	0	0	1	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	2	0	1	0
Jeonbuk	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Jeonnam	0	1	1	0	1	1	0	3	2	0	0	0
Gyeongbuk	0	4	1	0	0	0	0	0	3	0	1	0
Gyeongnam	4	12	3	0	0	0	0	0	1	0	1	1
Jeju	0	0	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 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II											
	Viral hepatitis A			Pertussis			Mumps			Rubella		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	112	1,013	1,079	0	10	80	218	1,805	2,720	0	0	0
Seoul	40	208	192	0	1	13	25	225	296	0	0	0
Busan	0	13	28	0	0	4	6	101	157	0	0	0
Daegu	1	12	19	0	0	3	9	74	94	0	0	0
Incheon	5	74	83	0	1	8	8	78	125	0	0	0
Gwangju	1	21	17	0	0	4	9	65	128	0	0	0
Daejeon	1	34	112	0	0	3	5	55	76	0	0	0
Ulsan	3	8	8	0	0	2	10	62	90	0	0	0
Sejong	0	7	15	0	0	3	2	14	14	0	0	0
Gyeonggi	33	380	311	0	3	12	64	548	710	0	0	0
Gangwon	3	17	25	0	0	0	9	69	106	0	0	0
Chungbuk	6	37	48	0	1	1	2	38	73	0	0	0
Chungnam	6	84	91	0	0	2	12	86	123	0	0	0
Jeonbuk	2	41	48	0	0	2	9	62	117	0	0	0
Jeonnam	5	33	24	0	0	7	15	73	114	0	0	0
Gyeongbuk	3	20	24	0	3	7	9	74	143	0	0	0
Gyeongnam	1	11	27	0	1	8	16	142	316	0	0	0
Jeju	2	13	7	0	0	1	8	39	38	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category II						Diseases of Category III					
	Meningococcal disease			Scarlet fever			Tetanus			Viral hepatitis B		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	0	2	20	194	2,845	1	4	1	4	92	77
Seoul	0	0	0	1	28	400	1	1	0	1	7	15
Busan	0	0	0	1	11	223	0	0	0	0	3	5
Daegu	0	0	0	0	1	83	0	1	0	0	2	2
Incheon	0	0	0	0	7	135	0	0	0	0	3	4
Gwangju	0	0	0	3	24	152	0	0	0	0	5	2
Daejeon	0	0	0	0	2	96	0	1	0	0	2	3
Ulsan	0	0	0	0	11	127	0	0	0	0	2	2
Sejong	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	0	0	1	8	54	778	0	0	0	2	32	19
Gangwon	0	0	1	0	4	34	0	0	0	1	4	2
Chungbuk	0	0	0	0	4	51	0	0	0	0	1	2
Chungnam	0	0	0	1	5	133	0	1	0	0	7	3
Jeonbuk	0	0	0	2	3	96	0	0	0	0	3	3
Jeonnam	0	0	0	2	8	123	0	0	1	0	7	3
Gyeongbuk	0	0	0	1	9	148	0	0	0	0	6	4
Gyeongnam	0	0	0	1	20	217	0	0	0	0	5	7
Jeju	0	0	0	0	3	36	0	0	0	0	3	1

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Japanese encephalitis			Malaria			Legionellosis			<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	0	0	4	7	13	5	64	58	0	1	0
Seoul	0	0	0	1	1	5	0	10	17	0	0	0
Busan	0	0	0	1	1	0	0	1	3	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0
Incheon	0	0	0	0	0	1	0	2	5	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	0	0	0	2	3	5	0	13	14	0	0	0
Gangwon	0	0	0	0	1	1	0	2	1	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0
Chungnam	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	1	0
Jeonnam	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0
Jeju	0	0	0	0	0	0	3	13	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Murine typhus			Scrub typhus			Leptospirosis			Brucellosis		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	2	0	6	146	142	1	17	8	0	2	0
Seoul	0	0	0	0	6	5	0	0	1	0	0	0
Busan	0	0	0	0	8	8	0	1	0	0	0	0
Daegu	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0
Incheon	0	1	0	0	2	4	0	3	0	0	0	0
Gwangju	0	0	0	0	5	2	0	0	1	0	0	0
Daejeon	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0
Ulsan	0	0	0	0	2	5	0	0	0	0	0	0
Sejong	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	0	0	0	0	8	13	0	2	2	0	2	0
Gangwon	0	0	0	0	1	4	0	1	0	0	0	0
Chungbuk	0	0	0	0	2	3	0	1	0	0	0	0
Chungnam	0	0	0	1	8	11	0	3	1	0	0	0
Jeonbuk	0	0	0	4	38	13	0	2	1	0	0	0
Jeonnam	0	0	0	1	39	31	0	1	1	0	0	0
Gyeongbuk	0	0	0	0	5	9	1	2	1	0	0	0
Gyeongnam	0	0	0	0	10	26	0	0	0	0	0	0
Jeju	0	1	0	0	5	5	0	0	0	0	0	0

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

* The reported data for year 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category III											
	Hemorrhagic fever with renal syndrome			Creutzfeldt-Jacob Disease			Dengue fever			Q fever		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	3	41	48	1	36	9	0	0	40	2	7	20
Seoul	0	1	3	0	5	3	0	0	13	0	0	1
Busan	0	0	1	0	2	0	0	0	3	0	0	1
Daegu	0	2	0	0	4	0	0	0	3	0	0	0
Incheon	0	1	1	0	3	0	0	0	2	0	0	0
Gwangju	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Daejeon	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Ulsan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Sejong	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gyeonggi	1	6	16	0	10	2	0	0	12	0	1	4
Gangwon	0	3	3	1	3	1	0	0	1	0	0	0
Chungbuk	0	1	2	0	0	0	0	0	1	0	0	4
Chungnam	1	8	4	0	1	0	0	0	1	2	4	2
Jeonbuk	0	9	4	0	1	1	0	0	0	0	0	2
Jeonnam	0	3	4	0	0	0	0	0	1	0	1	1
Gyeongbuk	0	3	7	0	1	1	0	0	1	0	1	1
Gyeongnam	1	2	2	0	3	1	0	0	1	0	0	1
Jeju	0	0	0	0	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 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

Table 2. (Continued) Reported cases of infectious diseases by geography, weeks ending March 20, 2021 (12th week)*

Unit: No. of cases[†]

Reporting area	Diseases of Category IV								
	Lyme Borreliosis			Severe fever with thrombocytopenia syndrome			Zika virus infection		
	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
Overall	0	0	1	0	0	0	0	0	—
Seoul	0	0	1	0	0	0	0	0	—
Busan	0	0	0	0	0	0	0	0	—
Daegu	0	0	0	0	0	0	0	0	—
Incheon	0	0	0	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	—
Gyeonggi	0	0	0	0	0	0	0	0	—
Gangwon	0	0	0	0	0	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 2020, 2021 are provisional but the data from 2016 to 2019 are finalized data.

[†] According to surveillance data, the reported cases may include all of the cases such as confirmed, suspected, and asymptomatic carrier in the group.[§] Cum. 5-year average is mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years.

1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

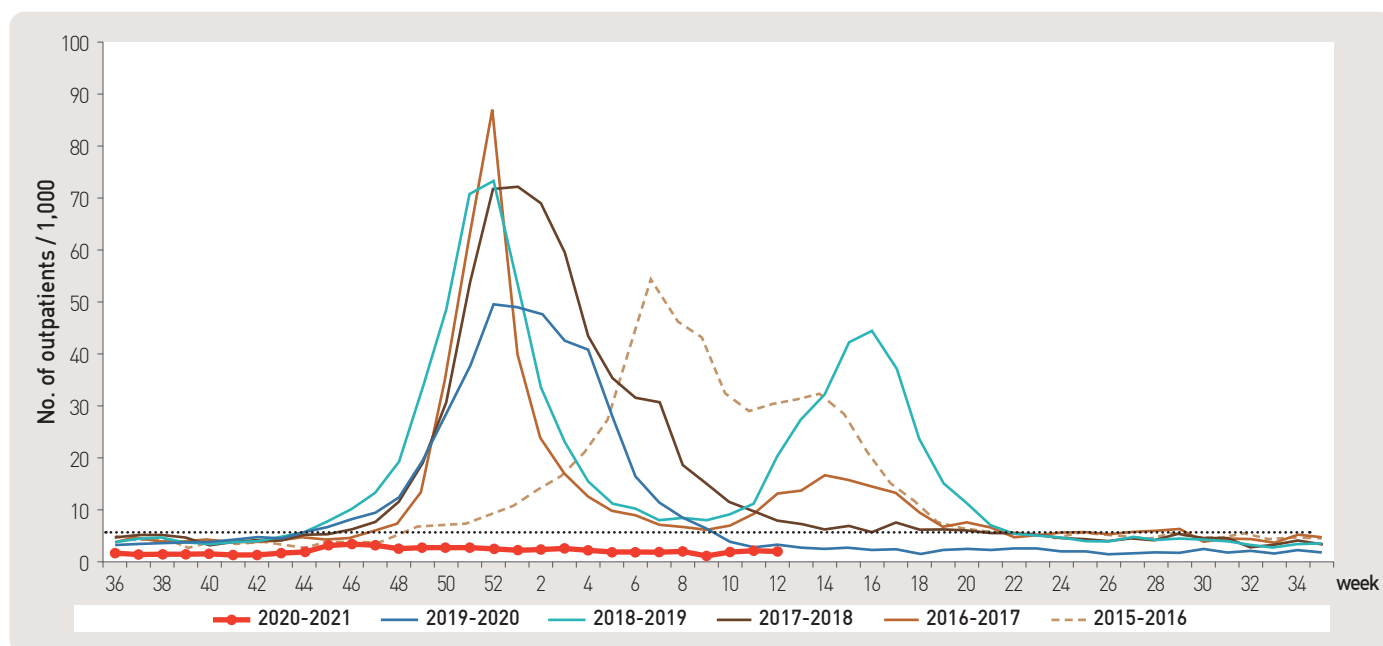


Figure 1. Weekly proportion of influenza-like illness per 1,000 outpatients, 2017-2018 to 2020-2021 flu seasons

2. Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD), Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

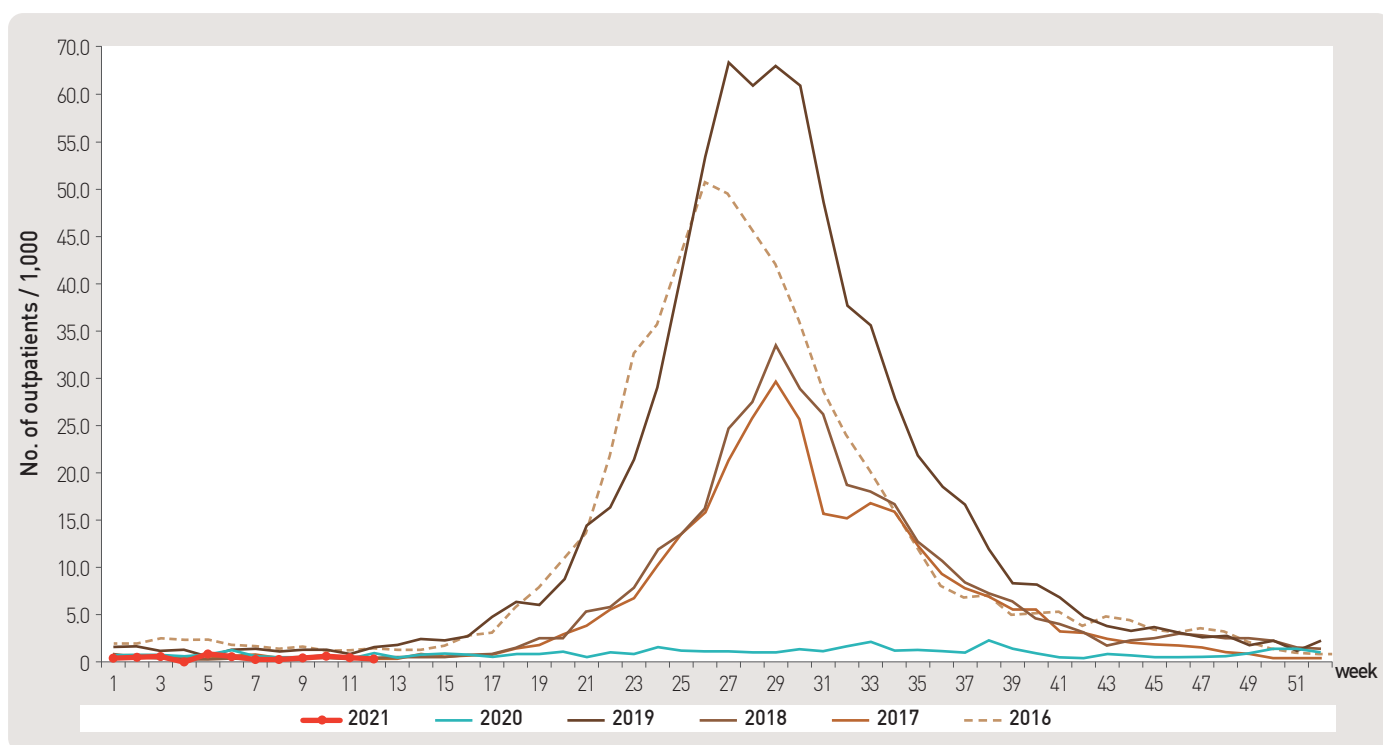


Figure 2. Weekly proportion of hand, foot and mouth disease per 1,000 outpatients, 2016-2021

3. Ophthalmologic infectious disease, Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

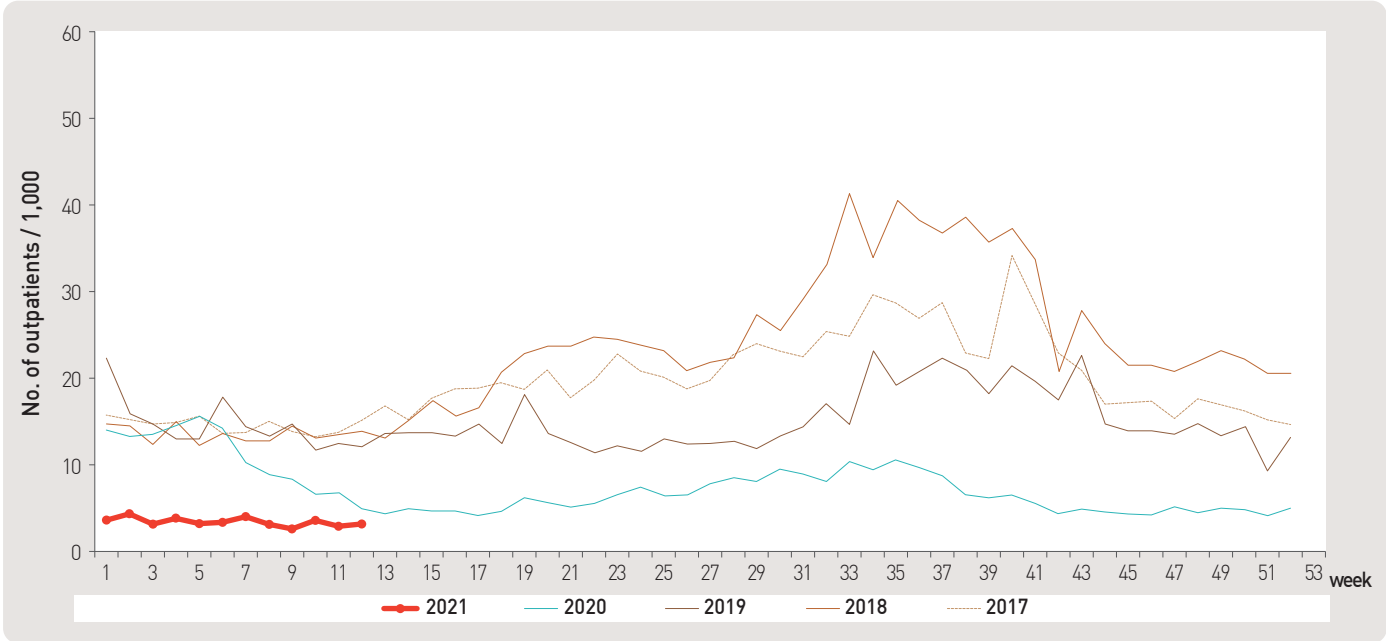


Figure 3. Weekly proportion of epidemic keratoconjunctivitis per 1,000 outpatients

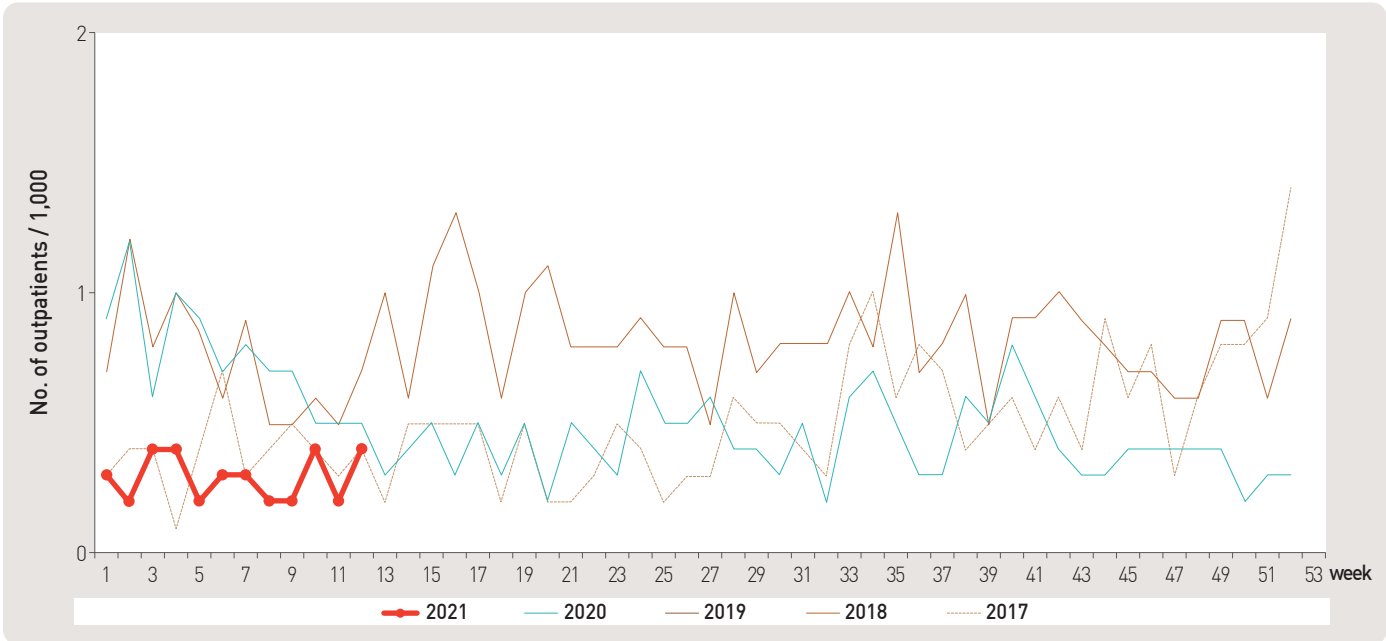


Figure 4. Weekly proportion of acute hemorrhagic conjunctivitis per 1,000 outpatients

4. Sexually Transmitted Diseases[†], Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

Unit: No. of cases/sentinels

Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
1.1	3.0	3.7	2.0	7.5	9.3	2.9	11.7	11.9	1.7	7.1	7.2

Human Papilloma virus infection			Syphilis								
			Primary			Secondary			Congenital		
Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]	Current week	Cum. 2021	Cum. 5-year average [§]
4.3	25.5	4.0	1.0	1.5	0.3	1.0	1.5	0.3	0.0	1.0	0.0

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

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

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

■ Waterborne and foodborne disease outbreaks, Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

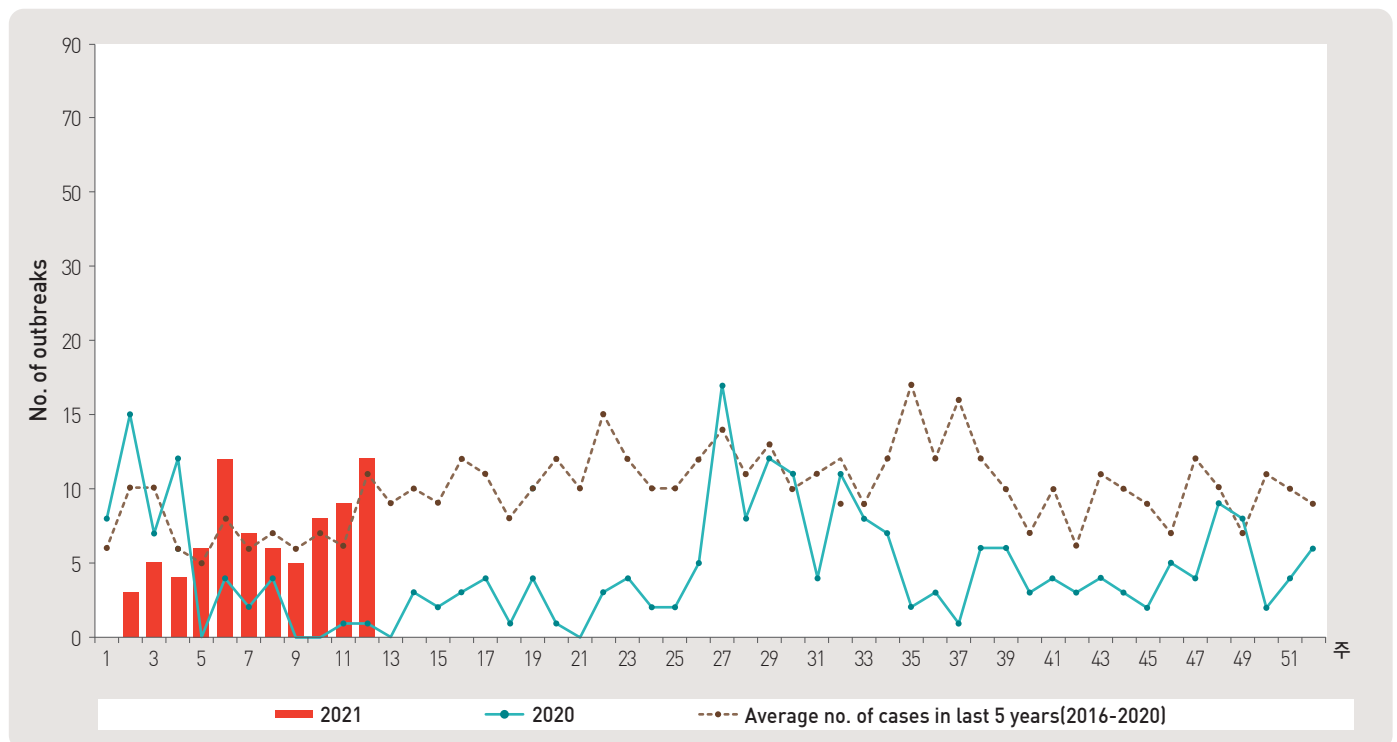


Figure 5. Number of waterborne and foodborne disease outbreaks reported by week, 2020–2021

1. Influenza viruses, Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

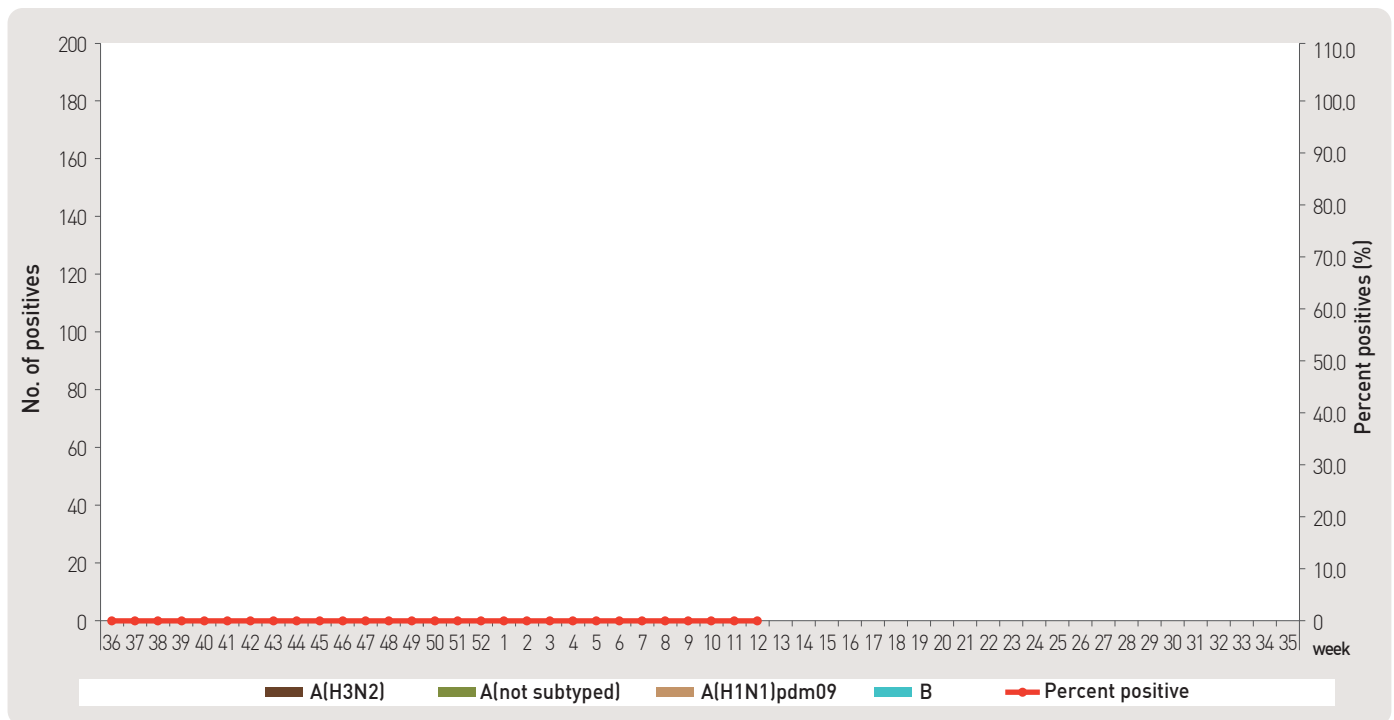


Figure 6. Number of specimens positive for influenza by subtype, 2020–2021 flu season

2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending March 20, 2021 (12th week)

2021 (week)	Weekly total		Detection rate (%)							
	No. of samples	Detection rate (%)	HAdV	HPIV	HRSV	IFV	HCoV	HRV	HBoV	HMPV
9	72	41.7	12.5	0.0	0.0	0.0	0.0	20.8	8.3	0.0
10	77	45.5	7.8	0.0	0.0	0.0	0.0	27.3	10.4	0.0
11	82	47.6	4.9	0.0	0.0	0.0	0.0	36.6	6.1	0.0
12	112	63.4	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	49.1	7.1	0.0
Cum. ※	343	51.0	7.9	0.0	0.0	0.0	0.0	35.3	7.9	0.0
2020 Cum. ∇	5,819	48.6	6.5	0.4	3.1	12.0	3.4	18.4	3.5	1.4

– HAdV : human Adenovirus, HPIV : human Parainfluenza virus, HRSV : human Respiratory syncytial virus, IFV : Influenza virus,

HCoV : human Coronavirus, HRV : human Rhinovirus, HBoV : human Bocavirus, HMPV : human Metapneumovirus

※ Cum. : the rate of detected cases between February 21, 2021 – March 20, 2021 (Average No. of detected cases is 86 last 4 weeks)

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

■ Acute gastroenteritis—causing viruses and bacteria, Republic of Korea, weeks ending March 13, 2021 (11th week)

◆ Acute gastroenteritis—causing viruses

Week	No. of sample	No. of detection (Detection rate, %)						
		Norovirus	Group A Rotavirus	Enteric Adenovirus	Astrovirus	Sapovirus	Total	
2021	8	85	36(42.4)	4(4.7)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	40(47.1)
	9	68	19(27.9)	2(2.9)	0(0.0)	1(1.5)	2(2.9)	24(35.3)
	10	65	11(16.9)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	11(16.9)
	11	50	15(30.0)	0(0.0)	0(0.0)	2(4.0)	0(0.0)	17(34.0)
Cum.	750		273(36.4)	17(2.3)	7(0.9)	3(0.4)	2(0.3)	302(40.3)

* 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, %)									
			<i>Salmonella spp.</i>	Pathogenic <i>E.coli</i>	<i>Shigella spp.</i>	<i>V.parahaemolyticus</i>	<i>V. cholerae</i>	<i>Campylobacter spp.</i>	<i>C.perfringens</i>	<i>S. aureus</i>	<i>B. cereus</i>	Total
2021	8	218	1 (0.5)	2 (0.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.5)	5 (2.3)	8 (3.7)	3 (1.4)	20 (9.2)
	9	191	1 (0.5)	3 (1.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (0.5)	4 (2.1)	7 (3.7)	1 (0.5)	17 (8.9)
	10	175	0 (0.0)	3 (1.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.1)	2 (1.1)	4 (2.3)	5 (2.9)	16 (9.1)
	11	138	3 (3.3)	2 (1.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (1.4)	3 (2.2)	0 (0.0)	2 (1.4)	13 (9.4)
Cum.		2,076	21 (1.0)	33 (1.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	19 (1.0)	46 (2.2)	67 (3.2)	25 (1.2)	213 (10.3)

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

* hospital participating in Laboratory surveillance in 2021(69 hospitals)

■ Enterovirus, Republic of Korea, weeks ending March 13, 2021 (11th week)

◆ Aseptic meningitis

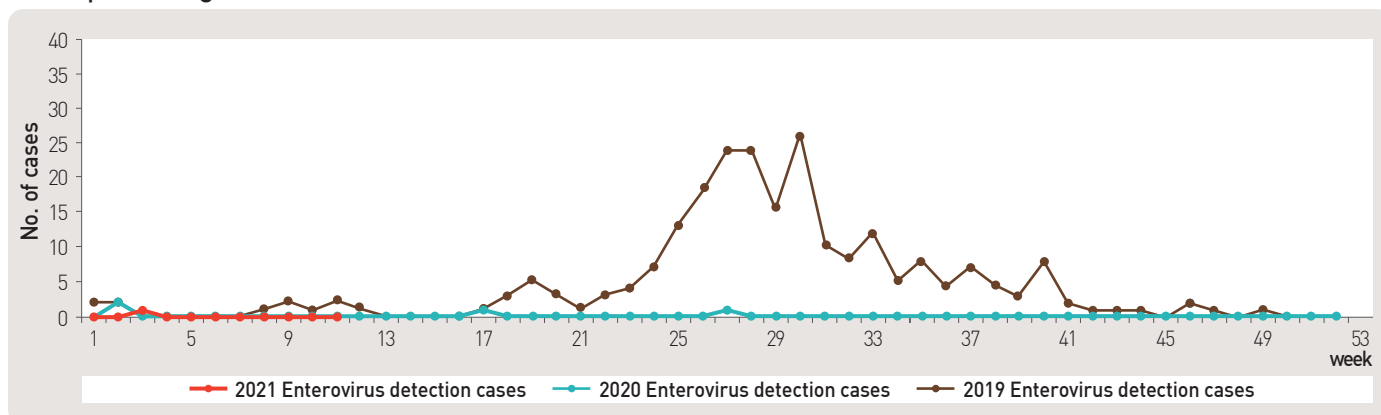


Figure 7. Detection case of enterovirus in aseptic meningitis patients from 2019 to 2021

◆ HFMD and Herpangina

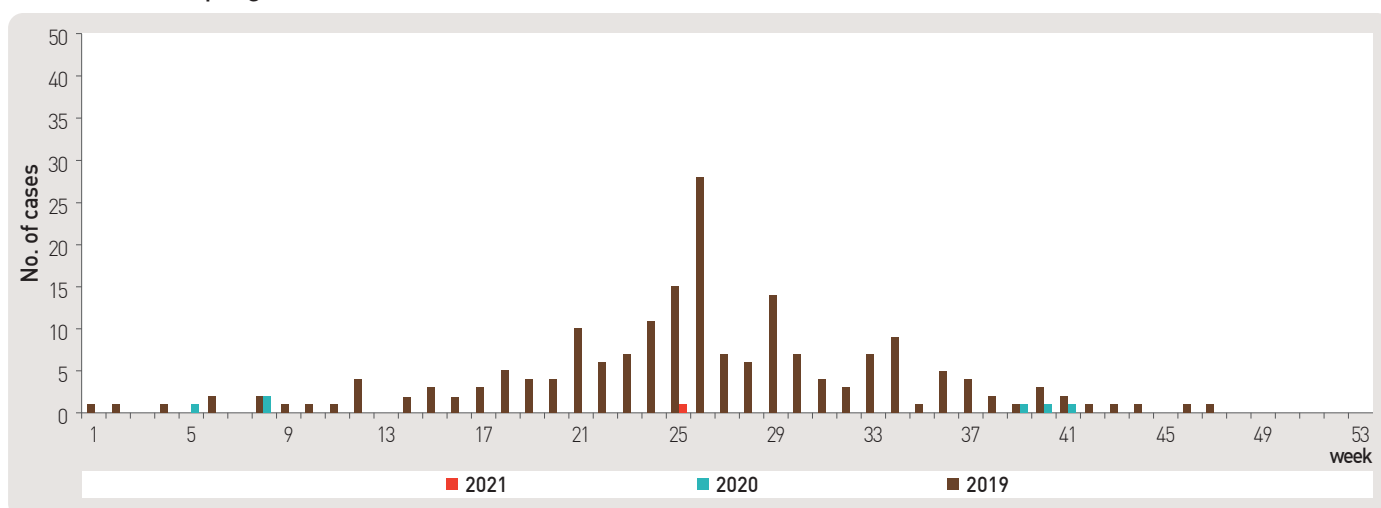


Figure 8. Detection case of enterovirus in HFMD and herpangina patients from 2019 to 2021

◆ HFMD with Complications

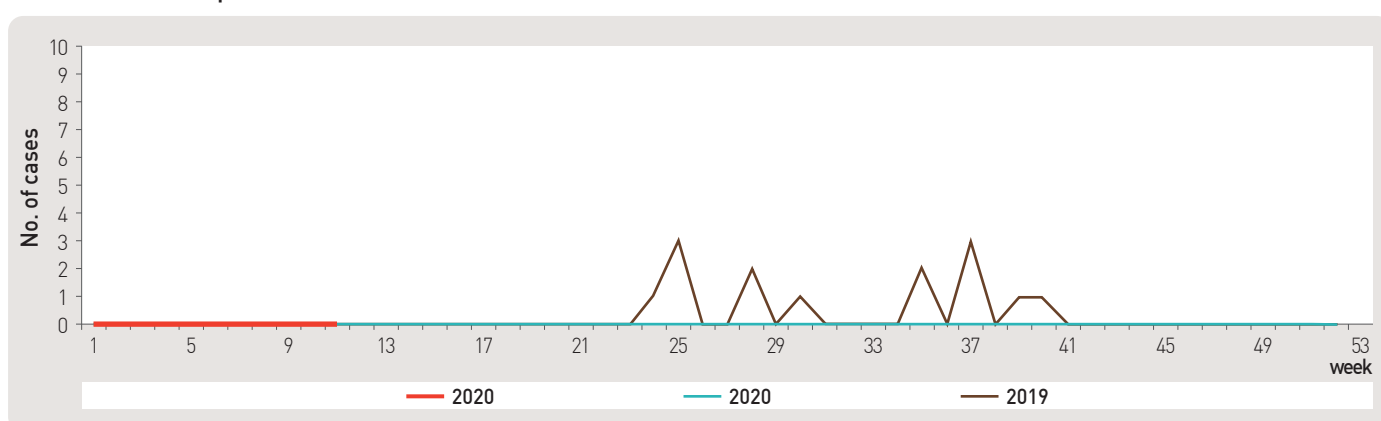


Figure 9. Detection case of enterovirus in HFMD with complications patients from 2019 to 2021

About PHWR Disease Surveillance Statistics

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

Using and Interpreting These Data in Tables

- **Current Week** – The number of cases under current week denotes cases who have been reported to KDCA at the central level via corresponding jurisdictions(health centers, and health departments) during that week and accepted/approved by surveillance staff.
- **Cum. 2021** – For the current year, it denotes the cumulative(Cum) year-to-date provisional counts for the specified condition.
- **5-year weekly average** – The 5-year weekly average is calculated by summing, for the 5 preceding 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= $(X1 + X2 + \dots + X25) / 25$

	10	11	12	13	14
2021			Current week		
2020	X1	X2	X3	X4	X5
2019	X6	X7	X8	X9	X10
2018	X11	X12	X13	X14	X15
2017	X16	X17	X18	X19	X20
2016	X21	X22	X23	X24	X25

- **Cum. 5-year average** – Mean value calculated by cumulative counts from 1st week to current week for 5 preceding years. It gives help to understand the increasing or decreasing pattern of the specific disease incidence by comparing difference between cum. 2021 and cum. 5-year average.

Contact Us

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

Mail:

Division of Climate Change and Health Protection Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

187 Osongsaengmyeong 2-ro, Osong-eup, Heungdeok-gu, Cheongju-si, Chungcheongbuk-do, Korea, 28160

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, 국가 감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기반으로 집계된 것으로 집계된 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 것이며 확진 결과시 혹은 다른 병으로 확인 될 경우 수정 될 수 있는 잠정 통계임을 알립니다.

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

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

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2021년 3월 25일

발 행 인 : 정은경

편 집 인 : 조은희

편집위원 : 박혜경, 이동한, 이상원, 이연경, 심은혜, 오경원, 김성수, 유효순

편집실무위원 : 김은진, 김은경, 주재신, 이지아, 김성순, 권동혁, 박숙경, 박현정, 전정훈, 임도상, 권상희, 신지연, 박신영, 정지원, 이승희, 윤여란, 김청식, 안은숙

편 집 : 질병관리청 건강위해대응관 미래질병대비과

충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운 (우)28159

Tel. (043) 219-2955 Fax. (043) 219-2969