

## 주간 건강과 질병

PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, KCDC



www.cdc.go.kr/phwr 2012년 2월 10일 제 5권 / 제 6호 / ISSN:2005-811X

## 2008-2010년 크로이츠펠트-야콥병 국가 실험실 진단현황

Current status of laboratory diagnosis for Creutzfeldt Jakob disease in South Korea, 2008-2010

질병관리본부 국립보건연구원 면역병리센터 신경계바이러스과  
현재육

## Content

- 98 2008-2010년 크로이츠펠트-야콥병 국가 실험실 진단현황
- 102 생물정보학을 이용한 백신후보 단백질 발굴시스템 개발현황
- 107 국민의 올바른 질환인식과 건강생활 실천을 위한  
귀와 코 건강관리 생활수칙
- 110 주요통계

## I. 들어가는 말

인간을 포함한 여러 포유동물의 중추신경계에 나타나는 신경변성 질환인 프리온 질환은 다양한 신경 증상의 발현과 신경세포의 소실, 성상교세포증(astrogliosis), 뇌실질의 공포화(vacuolization)<sup>1)</sup> 및 아밀로이드 플라크의 형성과 같은 병변이 나타난다[1]. 프리온 질환의 발병 메커니즘은 정상 프리온 단백질(PrP<sup>C</sup>)이 비정상적 감염성 프리온 단백질(PrP<sup>Sc</sup>)으로 그 구조가 변하여 병원성을 갖게 되며, 그 단백질 독성을 나타내는 것으로 의견이 모아지고 있다. 처음으로, 1996년 영국에서 광우병에 걸린 소를 섭취한 환자가 변종 크로이츠펠트-야콥병(variant Creutzfeldt-Jakob disease; vCJD)에 걸린 사례 이후로 전 세계적으로 CJD 환자는 꾸준히

보고되고 있다[2].

크로이츠펠트-야콥병(Creutzfeldt-Jakob disease; CJD)은 산발성(sporadic), 의인성(iatrogenic), 가족성(familial), 그리고 변종(variant)으로 구분되며 산발성의 경우, 유전적 돌연변이에 의해서 인구 100만 명당 0.5-1.0명 정도 생기는데 인종, 문화, 경제적 수준 등에 무관하게 일정한 수준으로 발병한다. 의인성의 경우는 의료시술 과정에서 감염성 프리온에 오염된 기구나 조직(tissue)에 의한 2차 감염으로 발생하고 가족성은 유전적 소양을 보인다. 전체 CJD 대부분이 산발성이며 광우병에 감염된 소고기의 섭취와는 관계없이 나타나고 있다. 산발성 CJD는 비교적 특징적인 임상소견을 보이기 때문에 경험이 있는 전문의가 임상적 진단을 하기에 그리 어렵지 않으나 발병 이후 임상적으로 진단을 확신하게 될 때까지는 다양하고 비특이적인 증상과 징후를 보이므로 진단에 혼란이 있게 된다.

우리나라에서도 최근 노인인구의 증가와 소고기 수입 문제로 CJD에 대한 관심이 고조되고 있는데, CJD 의심환자수도 매년 일정 수준 이상 지속적으로 보고되고 있다. 미국, 유럽, 일본 등 선진국을 중심으로 CJD에 대한 연구는 활발히 진행되어 오고 있으며 이러한 연구의 축적에 따라 CJD 환자를 분류하고

1) 공포화(空胞, vacuolization): 세포 원형질 내에 액포가 생기는 과정

진단하는 기술과 관련 근거들이 발전해 오고 있다. 국내에서도 질병관리본부 국립보건연구원 신경계바이러스과에서 한림대학교 일송생명과학연구소 진단협력센터와 함께 CJD를 포함한 프리온 질환에 대한 연구를 활발히 진행 해 오고 있다. CJD 국가 실험실 감시체계를 운영하는 것은 국내의 CJD 의심환자 발생 동향을 파악함으로써 위험 예측을 할 수 있을 뿐만 아니라 더 나은 진단법과 예방치료에 있어서 필요한 중요한 자료로 활용 될 수 있다.

질병관리본부 국립보건연구원 신경계바이러스과에서는 CJD에 대한 실험실 진단 업무를 수행하고 있으며 실험 항목은 의심환자의 뇌척수액에서 CJD 지표 물질인 14-3-3 단백 검출과 혈액에서 프리온 유전자의 염기서열을 분석하여 CJD와 관련된 프리온 질환의 위험성이 내재되어 있는 특정 부위의 유전자 다형성을 확인하고 있다. 6년여에 걸친 노하우와 숙련된 실험 안정성을 바탕으로 2010년에는 웨스턴 블롯을 이용한 14-3-3 단백 검출법으로 진단검사법 표준절차서(Standard Operating Procedures)를 제정하여 실험실 진단을 표준화하였다. CJD 환자진단을 위해서는 상기 실험실 진단결과와 임상진단결과가 요구되지만 이들은 모두 추정환자(probable)와 의심환자(possible)로 진단되는 것이며, 확진을 위해서는 생검이나 부검이 필수적이다[3]. 그러나 국내 문화적 여건상 환자 조직을 확보하기 어려워 실험실에서 이용되는 검체를 활용한 진단법의 강화가 매우 절실한 상황이다. 본 글에서는 2008년부터 2010년까지 최근 3년간 질병관리본부에서 수행한 CJD 의뢰환자 실험실 진단 현황을 소개하고 앞으로 해결해야 할 점들을 제시하고자 한다.

## II. 몸 말

최근 3년간 전국의 중·소형병원, 요양병원, 의료기관 으로부터 담당의사가 CJD로 의심된다고 판단되는 환자들의 샘플(뇌척수액, 혈액)과 병적 소견들을 접수 받아 실험실 진단이 수행 되었다. 의심 환자들의 샘플은 3차적인 포장상태로 운반되어 외부 노출이나 변형 등을 예방 하였다. 뇌척수액은 SDS-PAGE를 통해 단백질을 분리하고 14-

3-3 항체를 이용해 의심환자의 14-3-3 단백 증폭 여부를 검사하였다. 14-3-3 단백질은 정상인에서도 소량 발현되는 것인데 신경계 관련 질환이 발병 할 경우 14-3-3 단백질 증가하기 때문에 검출의 개념이 아닌 증폭의 개념이 진단에서 적용된다. 혈액에서는 DNA를 추출하여 프리온 단백질을 코딩하는 Exon II 부위의 760여개의 염기를 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction; PCR)을 통해 증폭시킨 뒤 염기서열을 분석하여 유전자 다형성 여부를 검사하였다.

매년 질병관리본부로 의뢰되는 CJD 의심환자의 의뢰건수는 증가해 왔다. Figure 1을 보면 2008년에는 55건이던 의뢰건수가 2년 사이 101건까지 증가 하였다. 이러한 증가에는 '프리온 파동'에 따른 임상 연구자들과 신경과 전문의들의 의식 개선 및 2010년 대한신경과학회에 CJD 안내 홍보 책자를 배포하고 검체에 대한 수송부터 실험 과정, 결과 안내까지 자세한 내용들을 홍보한 결과로 사료된다. 의뢰 건수가 증가 한 것은 의심환자의 전체적인 발생 건수가 증가 했다기보다는 CJD 환자와 다른 노인성 치매 환자의 임상적 증상이 매우 비슷하기 때문에 CJD를 간과하고 다른 노인성 치매로 자칫 잘못 진단을 내릴 수 있는 확률이 감소했다고 볼 수 있다.

14-3-3 단백 양성 건수는 14-3-3 단백 음성 건수보다 더 많은 결과를 차지하고 있다(Figure 2A). 2008년부터 2010년까지 순차적으로 32, 38, 52건으로 14-3-3 단백 양성 결과가 나왔고, 14-3-3 단백 음성 결과는 19, 24, 42건 순이었다. 2010년 총 검체수가 증가 했을 때도 14-3-3 양성과 음성이 차지하는 비율은 일정하게 유지가 된 것을 관찰할 수 있다. Figure 2B에서 보는 바와 같이 코돈 129번 다형성에서는 대다수의 결과가 129 M/M형을 나타내고 있다. 전체 혈액 검체 중 순차년적으로 45, 56, 49건이 129 M/M 이었다. 이는 각각 92.9%, 96.6%, 95.2%에 해당 한다. 이 중 기타 CJD 관련 프리온 질환에 대한 감수성이 보고된 유전자 다형성 결과도 관찰되었다(Figure 2B Others). 2008년에는 68 P/P, 232 M/R, 203 V/I, 219 E/K 그리고

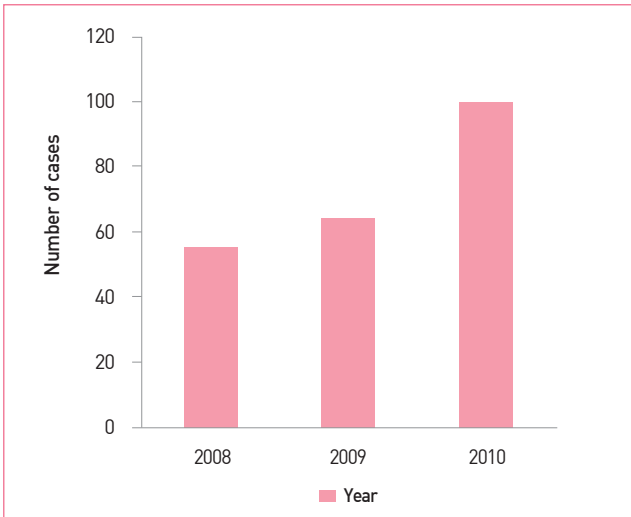


Figure 1. Number of cases requested of CJD suspected patientsto KCDC

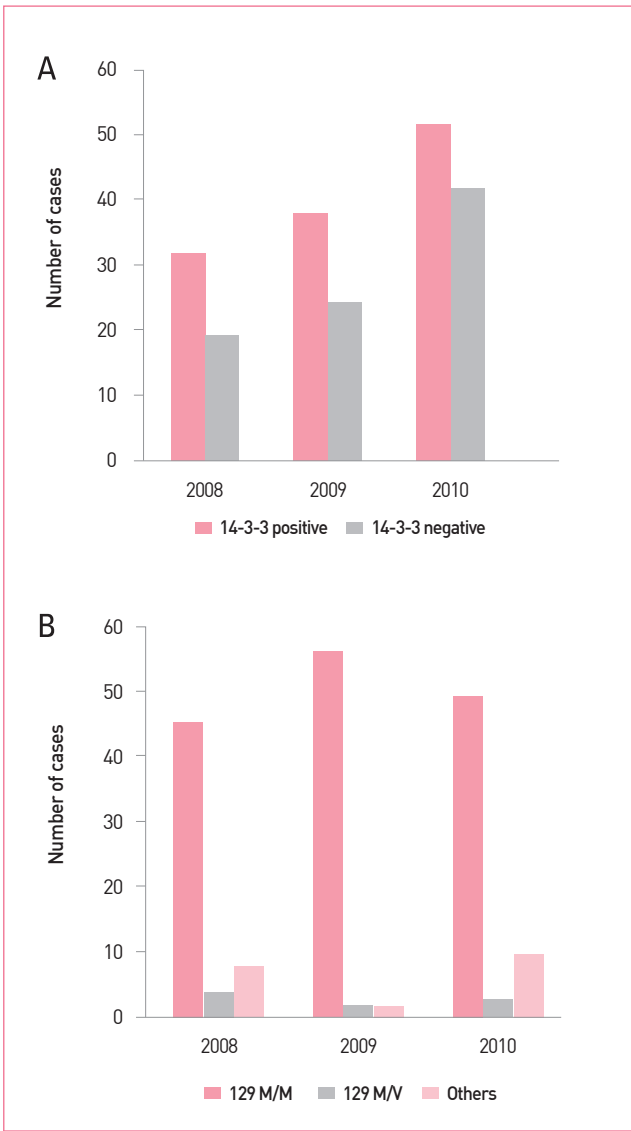


Figure 2. Laboratory diagnostic results for CJD from 2008 to 2010

2009년에는 180 V/I와 219 E/K, 2010년은 200 E/K와 219 E/K가 나타났으며 자세한 내용은 Table 1과 같다.

또한 CJD 의심환자수가 60-70대 연령대에서 거의 대부분을 차지하였는데(Figure 3), 노인성 치매 질환으로 분류되는 CJD는 40-50대 중·장년층 뿐만 아니라 CJD의 병인학적 분류에 따르면 20-30대 청년들에게도 나타날 수 있는 질병이다. 때문에 노인성 치매라고는 하지만 노인의 경계가 모호하기 때문에 중·장년층 까지 관심을 확대해 나가야 할 것으로 사료된다.

한편, 질병관리본부에서는 2001년부터 CJD를 지정감염병으로 지정·고시하고 신경과가 개설되어 있는 의료기관을 중심으로 표본감시체계(2010년 기준, 307개 기관)를 가동하여 왔고, 2010년 12월에는 제3군 감염병으로 변경되어 모든 의료기관을 대상으로 감시를 강화하고 있다. 법정감염병 감시체계를 통하여 보고된 크로이츠펠트-야콥병의 발생건수는 다음과 같다(Table 2)

Table 1. Polymorphisms of PRNP from suspected CJD patients' samples in KCDC (2008-2010)

Other Polymorphism	Number of case	Suspected disease
68 P/P	2	Prion disease
203 V/I	1	CJD
219 E/K	14	CJD
232 M/R	1	CJD
180 V/I	1	CJD
200 E/K	1	CJD



Figure 3. Age distribution of requested cases of CJD suspected patients

Table 2. Reported cases of Creutzfeldt-Jacob diseases in Korea, 2001-2010

Unit : case(case/sentinel)

Classification	Total	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
Total	185	5 (1.0)	9 (1.0)	19 (1.4)	13 (1.1)	15 (1.5)	19 (1.1)	18 (1.2)	28 (1.1)	30 (1.5)	29 (1.1)
Sub-Group											
Sporadic	178	5	9	19	12	14	19	18	25	29	28
Familial	6	0	0	0	1	1	0	0	3	1	0
Iatrogenic	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Variant	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sex											
Male	95	2	5	7	8	7	11	13	15	13	14
Female	90	3	4	12	5	8	8	5	13	17	15
Age											
	65±9	57±12	58±10	67±9	66±9	66±7	63±9	62±10	66±7	67±10	66±10

### III. 맺는 말

CJD 의심환자에 대한 실험실 진단은 14-3-3 단백질 검출과 프리온 유전자 다형성 분석으로 이루어지며, 뇌척수액내 14-3-3 단백질 증가는 CJD 의심환자 판정의 중요한 지표이다. 그러나 이 지표단백질은 CJD 뿐만 아니라 다른 뇌질환에서도 증가되기 때문에 특이도가 낮아, 국외 일부 전문기관에서는 Tau나 S-100b 단백질과 같은 지표물질을 함께 측정하고 있다 [4]. 질병관리본부 국립보건연구원 신경계바이러스과에서는 현재 뇌척수액에서 이러한 관련 마커 단백질의 복합적인 검출과 비정상적 감염성 프리온 단백질(PrP<sup>Sc</sup>)의 직접적인 확인을 통하여 더 나은 실험실 진단법을 구축해 나가기 위해 노력하고 있다. 기존의 14-3-3 항체보다 좀 더 특이적인 항체를 선별하고 Tau 단백을 정량적으로 측정하여 결과 판정의 정확성을 높이는 방향으로 개선하고 있다. 또한 의료기관 뿐만 아니라 검체 수송업체들에게도 CJD 의심환자의 검체 취급절차를 정확하게 홍보하여 보다 유기적인 CJD 의뢰건수 확보에 노력하고 있다. 진단 실험과정에 있어서도 반복성과 재현성에 중점을 두어 실험적 오류를 줄이고 있다.

CJD는 아직까지도 정확한 치료법이나 예방법이 구체화 되어 있지 않고 개인 잠복기에 따라 발병차이가 나기 때문에

관리·통제하는데 많은 어려움이 있는 것이 사실이다. 또한 CJD의 병인학적 원인으로 현재까지 밝혀진 바에 의하면 타 퇴행성뇌질환들의 발병 메카니즘과 임상적 증상이 많이 중첩되는 부분이 있다. CJD에 대한 정확한 정보와 관심이 부족한 상태로 의료기관에서 일반적으로 알려진 노인성치매의 일부로 잘못 진단되어 환자 관리에 어려움이 있다. 이를 위하여 조기 알츠하이머 치매 환자들의 프리온 유전자 변이를 스크리닝(screening)하여 CJD 의심환자를 선별해야 한다는 의견이 제시되고 있다. CJD 의심 환자가 발생하여 그 샘플들을 BL3 수준의 실험실에서 명확한 실험적 결과를 내고 의료기관에 통보하여 최종 환자가 진단되기까지의 일련의 과정들을 국가에서 주도적으로 운영함으로써 국내 CJD 환자 사례조사와 더불어 감염경로를 파악하는 것이 무엇보다 중요하다.

CJD의 개인별 감수성, 개선된 진단법 구축, 새로운 특정 마커의 발굴 등 기초연구를 수행하여 의심환자에 대한 조기발견과 사전조사가 이루어져야 할 것이다. 또한 국민의 사회적 불안감 해소와 국가 보건의료 분야의 경제적 손실을 최소화하기 위해 기초 연구자와 임상 연구자가 협조하여 연구 인프라를 구축하고 CJD에 대한 집중적인 관심을 지속적으로 기울이는 것이 예방을 위한 최적의 방법이 될 것이다.



#### IV. 참고문헌

1. Aguzzi, A., et al., (2008) Molecular mechanism of prion pathogenesis. *Annu Rev Pathol* 3, 11-40.
2. Ahn, S.S., (2009) History of prion and future. *Medical Postgraduates* 37(1), 27-41.
3. 크로이츠펠트-야콥병 표본 감시 · 관리지침 (2009) 질병관리본부
4. Satoh, K., Shirabe, S., Eguchi, H., Tsujino, A., Eguchi, K., Satoh, A., Tsujihata, M., Niwa, M., Katamine, S., Kurihara, S., Matsuo, H. (2006) 14-3-3 Protein, Total Tau and Phosphorylated Tau in Cerebrospinal Fluid of Patients with Creutzfeldt-Jakob Disease and Neurodegenerative Disease in Japan. *Cellular and Molecular Neurobiology* 26, 45-52.

## 생물정보학을 이용한 백신 후보 단백질 발굴시스템 개발현황

### Recent developments in bioinformatics for the identification of vaccine candidates

질병관리본부 국립보건연구원 면역병리센터 말라리아생충과  
주정원, 유원기

#### I. 들어가는 말

생물체에 대한 분석법의 발달로 대용량 유전체 및 전사체 정보가 축적 되어오고 있으며, 최근에는 차세대염기서열분석 (Next generation sequencing; NGS) 등의 첨단 유전자분석 기술의 발달로 데이터 축적 속도와 양이 크게 증가하고 있다. 또한 대단위 단백질 분석과 구조 정보가 축적되어지면서 개별 유전자 및 단백질들의 단위 기능분석과 함께 생물정보학(Bioinformatics)을 이용한 총체적인 분석이 활발히 이루어지고 있다. 병원체 연구에 있어서도 병원체의 서열정보 뿐만 아니라 면역작용을 포함한 숙주와의 상호작용에 대한 총체적 분석과 대용량 정보관리 노력이

선진국을 중심으로 수행되어 병원체정보데이터베이스(DB) 및 분석시스템을 구축해 오고 있다. 특히 면역정보학(Immuno-informatics) 분야는 병원체의 유전체 정보로부터 항원성 및 면역원성 단백질을 발굴하고 항원결정기를 예측분석하는데 유용한 정보 및 분석도구를 제공한다. 이 글에서는 면역정보학을 중심으로 생물정보학을 이용한 병원체의 백신 후보 물질 발굴시스템의 개발현황과 병원성 단백질 관리사업을 통해 구축하고 있는 DB를 소개하고자 한다.

#### II. 몸 말

최근 인간 유전체 염기서열 분석 완료로 촉발된 생물체의 유전체 분석은 속도를 더하여 다량의 정보를 축적해 오고 있다. 미국 캘리포니아 대학에서 제공하는 유전체 DB(www.genomesonline.org)에 의하면 2012년 1월 현재 11,222개의 유전체 분석사업이 진행되고 있으며 이중에서 3,698개의 유전체 분석이 완료되었다. 이러한 대단위 유전체 및 단백질에 대한 방대한 데이터를 통해서 새로운 정보를 생산해낼 수 있는 데이터 주도형(data-driven) 연구가 진행되고 있으며, 이에 부응하여 생물정보학적 분석은 필수적인 연구기술이 되고 있다[1]. 또한 NGS의 도입으로 병원체 등의 유전체 서열분석 기간 및 비용이 크게 감소하고 단기간에 방대한 양의 서열정보 축적이 가속화되고 있다.

이러한 정보는 다양한 생물정보학적 도구를 통하여 통합분석되고 있으며, 병원체의 경우 백신 및 진단 후보 물질인 항원단백질 발굴을 위해 분비단백질, 막단백질을 대상으로 예측분석법이 활발히 적용되고 있다. 병원체에서 항원성 및 면역원성 단백질 발굴은 질병의 진단과 예측 뿐만 아니라 백신 및 치료제 개발 분야까지 널리 이용될 수 있기 때문에 새로운 표적을 찾고자 하는 많은 노력이 진행되어 오고 있다. 생물정보학의 한 분야인 면역정보학은 항원성/면역원성 후보단백질에 대한 항원결정기(antigen determinants 또는 epitope)를 결정하고 면역반응을 예측할 수 있는 분석 방법을 제공하고 있다[2, 3]. 병원체의 경우, 대단위로 그리고 전략적으로 선별된 항원 후보단백질들을 대상으로, T-cell와

B-cell의 각 항원결정기를 면역생물정보학적 기법을 통해 분석할 수 있다. 항원결정기 예측 분석 도구는 단백질 자체의 다양한 생화학적 특징과 면역반응에 따른 항원가공 및 제시과정에 대한 이해에 기반한 알고리즘으로 구현된다[4, 5]. 이해를 돕기 위해 항원결정 과정에 대한 면역반응을 간략하게 소개하고자 한다.

일반적으로 “면역(immunity)”이라는 용어는 특정 감염 질환으로부터 회복된 개체를 설명하는 것으로 그들은 같은 병원체에 의한 재감염에 대하여 방어 능력을 획득하게 된다. 이 과정은 면역체계와 관련된 다양한 생물학적 반응이 관여하여 병원체를 인지하고 제거함으로써 이루어진다. 척추동물 이상의 생물체에서 면역체계는 선천성 면역(innate immunity)과 적응성 면역(adaptive immunity) 체계로 발전하였다[6]. 선천성 면역은 적응성 면역보다 덜 특이적이며, 방어의 첫 단계에서 작용하지만, 더 빠르며, 진화적으로 더 잘 보존 되어 있고 적응성 면역체계가 진화하는 토대가 된다. 적응성 면역은 병원체 노출 5-6일 후에 작용하는 면역체계로, 병원체의 인지와 반응을 기본으로 한다. 이를 위해선 숙주 고유의 세포나 단백질을 병원체의 것과 구분할 수 있어야 하고 병원체간의 생화학적, 분자생물학적 차이를 구분할 수 있어야 한다. 또한 병원체 감염세포와 비감염세포를 구분할 수 있어야 한다. 적응성 면역체계는 B-cell이 관여하는 체액성 면역반응(humoral immune response)과 T-cell이 관여하는 세포면역반응(cellular immune response)으로 크게 구분된다. 병원체 유래의 항원들은 항원결정기로 알려진 특이적인 작은 부위를 포함하고 있는데 B세포 항원결정기와 T-cell 항원결정기로 나눌 수 있다. 이 부분이 B-cell과 T-cell에 존재하는 수용체에 의해 인식된다. B-cell에 대한 항원결정기는 아미노산 서열을 인식하는 방법에 따라 연속적인 것(linear, continuous)과 비연속적인 것(discontinuous)으로 구분된다. T-cell에 대한 항원결정기는 일반적으로 짧은 연속적인 절편(linear peptide)이며, MHC I class와 MHC II class로 구분된다. B세포 항원결정기는 수용성의 항체와 직접 결합하기 때문에 일부 단백질의 경우, 친수성(hydrophilicity) 잔기가

차지하는 비율이 높은 부분에 존재할 가능성이 높은 반면에, T-cell 항원결정기는 단편화되어 MHC의 항원 펩타이드 수용구에 들어가기 때문에 친수성을 반드시 가질 필요는 없다.

이러한 기전을 설명하는 면역학적 연구가 수행되었고 면역분자의 생물학적인 차이를 분석해 왔다. 이러한 원리를 바탕으로 생물정보학적인 분석을 통하여 병원체를 인지하거나 사멸시키는데 주요한 표적물질을 탐색할 수 있게 되었다. 이를 위해 면역정보학이라는 생물정보학의 한 분야가 발전하였으며, 이는 병원체 인식뿐만 아니라 인식 후 작용하는 면역작용에 대한 총체적인 이해를 포함하고 있다. 이 분야에는 면역유전체학(immunogenomics), 면역단백체학(immunoproteomics), 항원결정기 예측분석(epitope prediction)과 컴퓨팅을 통한 백신연구(in silico vaccination) 등이 포함된다. 특히, 병원체의 유전자 산물로부터 잠재적인 항원/면역원성 단백질을 발굴하고 B-cell 또는 T-cell epitope을 분석하여 새로운 진단 및 백신개발에 응용하는 분석과정을 ‘reverse vaccinology’라고 한다[7].

면역정보학은 병원체의 배양과 항원성 단백질의 추출 및 분리가 필요한 전통적인 방법에 비해 시간과 노력이 덜 소요된다는 장점을 제공한다. 즉, 과거에 정확한 항원결정기에 대한 데이터가 존재하지 않았을 때에 비해, 최근에는 펩타이드(peptide) 서열 motif를 기준으로 무작위적으로 항원결정기 예측을 가능하게 하며, 또한 실험적으로 밝혀진 항원성 또는 면역원성 펩타이드가 존재하는 경우, 길이가 짧은 펩타이드를 이용하여 항원결정기 지도작성(epitope mapping)을 시도함으로써 항원결정기의 정확한 영역을 밝히는데 적용이 가능하다. 또한 항원결정기 예측을 통해 항원결정기가 집중된 부위 즉, 면역반응이 높은 부위(immunological hot spot) 또는 면역원성(immunogenicity)이 높은 부위를 동정할 수 있다. 펩타이드 서열 motif를 기반으로 항원결정기를 예측하는 분석알고리즘으로는 Binding Matrices, Decision Trees, Artificial Neural Networks, Hidden Markov models, Support Vector Machines 등이 있으며, 결합부위의 구조를 기반으로 개발된 분석알고리즘으로는 Protein Threading, Homology

Modeling, Docking 등이 있다[8]. 항원결정기 분석 프로그램 중에 기존에 널리 사용했던 것은 NetMHC, NetCTL 등이 있고, 새롭게 연구에 적용되고 있는 것들은 EpiToolKit, Bepipred, Discotope 등이 있다. 또한 항원결정기 분석서버는 CEP, CTLpred, SYFPEITHI, SEPPA 등이 개발되어 보다 효율적이고

빠른 동정이 가능하다. 이와 같은 분석시스템의 개발은 급속히 불어나는 유전체 및 단백질체 데이터베이스와 최신 문헌정보의 정보마이닝 기법 등과 맞물려 IEDB, AntigenDB, 그리고 Protegen과 같은 항원 단백질의 항원결정기 데이터베이스 구축의 토대가 되었다. 미국 NIAID의 IEDB(Immune epitope

**Table 1. Web-servers and resources for prediction of B cell epitope and antigenicity**

Prediction server	URL	Description	Type	Country
CED	<a href="http://immunet.cn/ced/">http://immunet.cn/ced/</a>	A conformational epitope database	DB	China
BCIPEP	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/bcipep">http://www.imtech.res.in/raghava/bcipep</a>	A database of B-cell epitopes	DB	India
Epitome	<a href="http://roslab.org/services/epitome">http://roslab.org/services/epitome</a>	Database of structurally inferred antig	DB	USA
IMGT <sup>e</sup>	<a href="http://imgt.cines.fr">http://imgt.cines.fr</a>	Integrated knowledge resource specialized in Immunoglobulin, TCR And MHC.	DB	Germany
IEDB-AR	<a href="http://tools.immuneepitope.org">http://tools.immuneepitope.org</a>	Linear & Conformational epitope	DB	USA
AAPPred <sup>e</sup>	<a href="http://bioinf.ru/aappred/">http://bioinf.ru/aappred/</a>	Linear epitope	Prediction	China
ABCpred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/abcpred/">http://www.imtech.res.in/raghava/abcpred/</a>	Linear epitope	Prediction	India
Antigenic <sup>e</sup>	EMBOSS package	Linear epitope	Prediction	India
Bcepred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/bcepred/">http://www.imtech.res.in/raghava/bcepred/</a>	Linear epitope	Prediction	India
BCPRed <sup>e</sup>	<a href="http://ailab.cs.iastate.edu/bcpreds/predict.html">http://ailab.cs.iastate.edu/bcpreds/predict.html</a>	Linear epitope	Prediction	USA
BEOracle <sup>e</sup>	<a href="https://sites.google.com/site/oracleclassifiers">https://sites.google.com/site/oracleclassifiers</a>	Linear epitope	Prediction	USA
BepiPred <sup>e</sup>	<a href="http://cbs.dtu.dk/services/BepiPred">http://cbs.dtu.dk/services/BepiPred</a>	Linear epitope	Prediction	Denmark
Bepitope	Available upon request to the author	Linear epitope	Prediction	France
COBEpro	<a href="http://scratch.proteomics.ics.uci.edu/">http://scratch.proteomics.ics.uci.edu/</a>	Linear epitope	Prediction	USA
Epit	<a href="http://ailab.cs.iastate.edu/epit/download.html">http://ailab.cs.iastate.edu/epit/download.html</a>	Linear epitope	Prediction	USA
ePitope	<a href="http://epitope-informatics.com/">http://epitope-informatics.com/</a>	Linear epitope	Prediction	United Kingdom
FBCPRed <sup>e</sup>	<a href="http://ailab.cs.iastate.edu/bcpreds/predict.html">http://ailab.cs.iastate.edu/bcpreds/predict.html</a>	Linear epitope	Prediction	USA
People	Available upon request to the author	Linear epitope	Prediction	France
Pepitope	<a href="http://pepitope.tau.ac.il/">http://pepitope.tau.ac.il/</a>	Linear epitope	Prediction	Israel
Preditop	Available upon request to the author	Linear epitope	Prediction	France
LEPS	<a href="http://leps.cs.ntou.edu.tw/">http://leps.cs.ntou.edu.tw/</a>	Linear epitope	Prediction	Taiwan
SEPPA <sup>e</sup>	<a href="http://lifecenter.sgst.cn/seppa/index.php">http://lifecenter.sgst.cn/seppa/index.php</a>	Linear epitope	Prediction	China
Epitopia <sup>e</sup>	<a href="http://epitopia.tau.ac.il">http://epitopia.tau.ac.il</a>	Linear & conformational epitope	Prediction	Israel
BEPro <sup>e</sup>	<a href="http://www.pnl.gov/statistics/BEPro3">http://www.pnl.gov/statistics/BEPro3</a>	Conformational epitope	Prediction	USA
Disco Tope	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/services/DiscoTope">http://www.cbs.dtu.dk/services/DiscoTope</a>	Conformational epitope	Prediction	Denmark
ElliPro	<a href="http://tools.immuneepitope.org/tools/ElliPro">http://tools.immuneepitope.org/tools/ElliPro</a>	Conformational epitope	Prediction	USA
EPCES	<a href="http://sysbio.unl.edu/EPCES/">http://sysbio.unl.edu/EPCES/</a>	Conformational epitope	Prediction	Germany
EPSVR	<a href="http://sysbio.unl.edu/EPSVR/">http://sysbio.unl.edu/EPSVR/</a>	Conformational epitope	Prediction	Germany
PepSurf	<a href="http://pepitope.tau.ac.il/sources.html">http://pepitope.tau.ac.il/sources.html</a>	Conformational epitope	Prediction	Israel
Mapitope	Available upon request to the author	Conformational epitope	Prediction	Israel
ANTIGENpro	<a href="http://scratch.proteomics.ics.uci.edu/">http://scratch.proteomics.ics.uci.edu/</a>	Antigen Proteins	Prediction	USA

e ; Prediction Tools involved in the EpiSys of PathOD

database, <http://www.immuneepitope.org/>)의 경우, 항원결정기에 대한 데이터베이스를 제공하고 있기 때문에, 병원성 단백질의 항원성 확인 및 백신 개발에 널리 이용되고 있다. B-cell과 T-cell 항원결정기에 대한 데이터베이스와 예측 분석도구 개발 현황을 Table 1과 2에 각각 정리하였다.

항원결정기 예측 분석 도구(Epitope prediction tool)의 개발은 유럽과 미국을 중심으로 활발히 이루어지고 있으며, 인도와 중국에서도 개발되어 지고 있다. 각 분석도구의 예측 정확성은 알고리즘의 특징에 따라 차이가 있으며, 이들의 장점을 취합하여 복합적으로 분석하고 적용하는 것이 효율적일 것으로 판단된다. 현재 병원성 단백질 관리사업으로 개발되고 있는 데이터 베이스인 PathOD(Pathogen Omics Database, <http://pathod.cdc.go.kr>)는 항원결정기의 예측분석을 위한 EpiSYS를 개발해 오고 있으며 현재 웹상에서 이용가능한 일부의 B-cell 항원결정기 예측 분석도구들을 탑재함으로써 병원체의 항원단백질을 분석하고자 하는 연구자들에게 접근성이 뛰어난 환경을 제공하고자 한다(Table 1). PathOD에 장착된 B-cell 항원결정기 예측 프로그램의 효율성 및 정확도를 검증하기 위해 IEDB에서 실험적으로 검증된 항원결정기 정보를 포함하는 항원 단백질 172개를 선정하였다. 선정된 172개 항원 단백질은 항원결정기 예측 프로그램의 효율성 및 정확성 분석을 위해 5개의 항원결정기 분석 프로그램(antigen, bepiped, bcpred, fbcpred, aap)으로 분석을 수행하였다. 하나의 항원 단백질에는 여러 개의 항원결정기 영역이 존재하는데, 이 중 2곳 이상 예측된 것에 대하여 항원결정기 영역을 예측한 것으로 간주하였으며, 그 결과 5개의 항원결정기 예측 프로그램 중에서 2개 이상의 프로그램이 이미 알려진 항원결정기를 정확히 예측한 결과는 78%의 정확도로 확인되었으며, 3개 이상의 프로그램이 예측한 경우도 60%의 정확도를 나타내었다.

### III. 맺는 말

면역체계는 많은 반응들이 얽히고설킨 수 천가지 생화학 분자들의 작용 네트워크이다. 이러한 작용 네트워크는

구조적으로 또는 기능적으로 아주 다양하다. 연구자들은 오랜 시간에 걸쳐 대용량 분석 실험 등을 통해 많은 자료를 축적해 왔으며, 컴퓨팅을 통한 대용량 자료의 저장과 분석이 가능해지면서 전체 면역체계를 이해하는데 다양한 분석도구들이 개발되고 사용되고 있다. 최근 이러한 자료들은 면역체계 네트워크에 관한 특징과 역동적인 반응들을 분석하는 시스템 생물학으로 통합되고 있다. 면역정보학 분야의 후발주자인 우리나라의 경우, 다양한 생화학적 특징을 고려한 알고리즘을 설계하는 분야에 주력하기 보다는 항원성 또는 면역원성 단백질을 발굴하기 위해 개발되어진 다양한 분석도구를 적극 활용하여 우리나라에서 유행하는 주요 병원체에 대한 항원성 단백질 발굴에 노력을 기울일 필요가 있다. 면역정보학적 알고리즘 개발이라는 기초 분야 인프라 구축에서는 뒤쳐져 있지만 그 응용 및 활용 분야에 대한 노력을 경주한다면 생물자원 전쟁이라 불리는 작금의 상황에서 뒤늦게나마 그 차이를 만회할 수 있을 것으로 기대한다. 질병관리본부에서 개발하고 있는 병원성 단백질 DB인 PathOD는 이러한 노력의 일환으로, 병원체 감염 관련 면역반응을 이해하는데 유용한 자료를 제공할 수 있을 것이다. 이를 더욱 발전시키기 위해 병원체의 단백질 분석을 포함한 -omics 분석 자료를 수집하고, 생물정보학적 분석을 통한 자료들 간의 정보 호환성을 극대화할 수 있는 정보 표준화 및 체계적인 관리 분석시스템 구축을 위해 노력할 계획이다. 병원체에 대한 항원 및 면역원성 단백질 정보 분석과 관리는 소요 예산 및 파생 가치의 공공성을 고려하여 국가가 일관성 있게 추진하고, 관련 연구자에게 파생 자료를 제공함으로써 감염병 관리를 위한 면역·분자 생물학적 근거자료 활용성을 극대화하여야 한다.

### IV. 참고문헌

1. Poland GA, Ovsyannikova IG, Jacobson RM (2009) Application of pharmacogenomics to vaccines. *Pharmacogenomics* 10: 837-852.
2. Namrata Tomar and Rajat K, DE Immunoinformatics: an integrated scenario. *Immunology*. 2010. 131, 153-168



Table 2. Web-servers and resources for prediction of T cell epitope and proteasomal cleavage site

Prediction server	URL	Description	Type	Country
*IEDB-AR	<a href="http://tools.immuneepitope.org">http://tools.immuneepitope.org</a>	a repository of web-based tools for the prediction and analysis of immune epitopes	DB	USA
Hepitope	<a href="http://www.hiv.lanl.gov/content/immunology/hepitopes/index.html">http://www.hiv.lanl.gov/content/immunology/hepitopes/index.html</a>	HLA-Enriched Possible Epitope of HIV	DB	USA
SYFPEITHI	<a href="http://www.syfpeithi.de">http://www.syfpeithi.de</a>	Epitopes, binding motifs. Epitope alignments for MHC	DB	USA
JENPEP	<a href="http://www.darrenflower.info/jenpep/">http://www.darrenflower.info/jenpep/</a>	Quantitative functional peptide data for immunology	DB	India
FRED	<a href="http://www-bs.informatik.uni-tuebingen.de/Software/FRED">http://www-bs.informatik.uni-tuebingen.de/Software/FRED</a>	A framework for T-cell epitope detection	DB	USA
IMGT®	<a href="http://imgt.cines.fr">http://imgt.cines.fr</a>	Integrated knowledge resource specialized in Immunoglobulin, TCR and MHC. The international immunoinformatics information system	DB	Germany
ARB matrix	<a href="http://epitope.liai.org:8080/tools/matrix/iedb_input?matrixClass= I , II">http://epitope.liai.org:8080/tools/matrix/iedb_input?matrixClass= I , II</a>	MHC binding peptide prediction	Prediction	USA
BIMAS	<a href="http://www-bimas.cit.nih.gov/molbio/hla_bind/">http://www-bimas.cit.nih.gov/molbio/hla_bind/</a>	Ranks potential peptides based on a predicted half times of disassociation to HLA class I molecules	Prediction	USA
CTLpred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/ctlpred">http://www.imtech.res.in/raghava/ctlpred</a>	Prediction of CTL epitopes based on ANN and SVM	Prediction	Germany
EpiMatrix®	<a href="http://www.epivax.com">http://www.epivax.com</a>	prediction of MHC I and II conserved and promiscuous epitopes	Prediction	India
IMTECH	<a href="http://www.res.in/raghava/mhc/page4.html">http://www.res.in/raghava/mhc/page4.html</a>	Prediction of the MHC binding core	Prediction	India
MAPPP	<a href="http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/">http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/</a>	MHC I antigenic peptide processing prediction	Prediction	United Kingdom
MHCbench	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/mhcbench/">http://www.imtech.res.in/raghava/mhcbench/</a>	Evaluation of MHC binding predictive algorithms	Prediction	India
MHC2Pred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/mhc2pred">http://www.imtech.res.in/raghava/mhc2pred</a>	SVM based method for promiscuous MHC II binders	Prediction	USA
MHCPred 2.0	<a href="http://www.jenner.ac.uk/MHCPred">http://www.jenner.ac.uk/MHCPred</a>	MHC/peptide or TAP/peptide IC50 binding values	Prediction	USA
MMBPred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/mmbpred/">www.imtech.res.in/raghava/mmbpred/</a>	Mutated high affinity and promiscuous MHC I binders	Prediction	Denmark
MMDB	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml</a>	Listing of crystal structures, including antibodies, HLA, and TCRs	Prediction	Denmark
MotifScan	<a href="http://www.hiv.lanl.gov/content/immunology/motif_scan">http://www.hiv.lanl.gov/content/immunology/motif_scan</a>	Find HLA anchor residue motifs	Prediction	Denmark
NetCTL 1.2	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/services/NetCTL">http://www.cbs.dtu.dk/services/NetCTL</a>	Predicts CTL epitopes in proteins	Prediction	India
NetMHC 3.0	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/services/NetMHC">http://www.cbs.dtu.dk/services/NetMHC</a>	-Produces a neural network prediction of binding affinities for HLA-A2 and H-2Kk -Predicts MHC binding propensity of peptides	Prediction	Germany
nHLAPred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/nhlapred/">http://www.imtech.res.in/raghava/nhlapred/</a>	Neural network based MHC I binding prediction	Prediction	India
PREDEP	<a href="http://margalit.huji.ac.il">http://margalit.huji.ac.il</a>	MHC I epitope prediction	Prediction	Israel
ProPred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/propred/">http://www.imtech.res.in/raghava/propred/</a>	MHC II binding peptide prediction server	Prediction	India
ProPred-1	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/propred1">http://www.imtech.res.in/raghava/propred1</a>	MHC I binding peptide prediction	Prediction	India
RANKPEP	<a href="http://immunax.dfci.harvard.edu/Tools/rankpep.html">http://immunax.dfci.harvard.edu/Tools/rankpep.html</a>	Prediction of MHC I and II binding peptides	Prediction	USA
SMM	<a href="http://cagt.bu.edu/page/SMM_submit">http://cagt.bu.edu/page/SMM_submit</a>	Prediction of high affinity HLA-A2 binding peptides	Prediction	Germany
SVMHC	<a href="http://www-bs.informatik.uni-tuebingen.de/SVMHC">http://www-bs.informatik.uni-tuebingen.de/SVMHC</a>	MHC class I predictions based on support vector machines and known MHC-binding peptides	Prediction	Germany
TAP Pred	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/tappred">http://www.imtech.res.in/raghava/tappred</a>	Predicts binding affinity of peptide to TAP transporter	Prediction	Germany
FRAGPREDICT	<a href="http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/cleavage.html">http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/cleavage.html</a>	Prediction of proteasome cleavage site	proteasome	India
NetChop v3.0	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/services/NetChop">http://www.cbs.dtu.dk/services/NetChop</a>	Cleavage sites of the human proteasomes	proteasome	Germany
PAProC	<a href="http://www.paproc.de">http://www.paproc.de</a>	Prediction algorithm for proteasomal cleavages	proteasome	Germany
Pcleavage	<a href="http://www.imtech.res.in/raghava/pcleavage">http://www.imtech.res.in/raghava/pcleavage</a>	SVM based method for proteasome cleavage	proteasome	India
WAPP	<a href="http://abi.inf.uni-">http://abi.inf.uni-</a>	Proteasomal cleavage, TAP binding and MHC I	proteasome	Germany

3. Darren R. Flower, Isabel K. Macnonald, Kamna Ramakrishnan, Matthew N Davies, Irini A. Doytchinova, Computer aided selection of candidate vaccine antigens, Immunome Research 2010, 6(suppl 2):S1
4. Saffari B, Mohabatkar H (2009) Computational analysis of cysteine proteases (Clan CA, Family Cl) of Leishmania major to find potential epitopic regions. Genomics Proteomics Bioinformatics 7: 87-95.
5. Wang X, Zhang L, Chi Y, Hoellwarth J, Zhou S, et al, The nature and combination of subunits used in epitope-based Schistosoma japonicum vaccine formulations affect their efficacy. Parasit Vectors 3: 109.
6. Kimbrell DA, Beutler B. The evolution and genetic of innate immunity. Nat Rev Genet 2001, 2, 256-67
7. Davies MN, Flower DR. Harnessing bioinformatics to discover new vaccine. Drug Discov Today 2007, 12, 389-95
8. Tong JC, Tan TW, Ranganathan S (2007) Methods and protocols for prediction of immunogenic epitopes. Brief Bioinform 8: 96-108.

25.9%(남자 30.1%, 여자 23.1%)로 삶의 질을 떨어뜨리고 사회생활에 제약을 가져다준다(2009년 국민건강통계). 신생아 난청은 신생아 1000명 중 1-3명꼴로 발생하는 청력 장애로 유소아의 언어 습득과 발달에 지연이 일어날 수 있다. 또 국내 보고에 의하면 남성의 27.1%, 여성의 16.8%가 폐쇄성수면무호흡증(무호흡-저호흡지수 5 이상<sup>4)</sup>)을 갖고 있는 것으로 나타났다. 수면무호흡증은 수면 중 무호흡이 일어나 혈중 산소가 떨어지는 질환으로, 심한 코골이와 주간 졸림 등의 증상을 나타내며 고혈압, 심장질환, 뇌혈관질환 등 심뇌혈관질환을 유발하므로 조기 발견과 관리가 중요하다. 이에 국민의 귀와 코 건강과 삶의 질 개선을 위해 국가적 차원의 관리 대책이 필요하다.

일상 생활속에서 올바른 질환인식과 건강생활 실천을 통해 귀와 코 질환을 예방하고 중증질환으로의 진행을 막을 수 있다. 그러나 인터넷 시대 검증되지 않은 질환 정보(건강노이즈)의 범람으로 불필요한 의료행위와 의료비 부담만 가중되고 있다. 이에 정부와 대한이비인후과학회는 공동 협력을 통해 의과학적 지식에 근거한 ‘난청, 수면무호흡증 예방과 관리를 위한 생활수칙’을 개발하였다.

‘난청 예방과 관리를 위한 7대 생활수칙’과 ‘수면무호흡증 예방과 관리를 위한 5대 생활수칙’은 각각 귀와 코 질환 전문가가 초안을 작성하고, 2년여에 걸쳐 자문 교수들이 수정과 보완 작업을 반복하였다. 또 홍보 및 국어학 전문가의 검토를 통해 일반 국민이 이해하기 쉽고 올바른 언어로 재정리되었다. 이를 소책자 형태로 제작하여 대국민 교육 자료로 활용하고 있는데, 생활 수칙을 제시하면서 각종 도표를 활용하여 그 근거를 자세히 설명하고 해당 근거 문헌을 함께 기술하여 질환정보에 대한 대국민 신뢰성을 높이고자 하였다.

## 국민의 올바른 질환인식과 건강생활 실천을 위한 귀와 코 건강관리 생활수칙

Guideline of ear and nose health care for right disease knowledge and healthy life style in Korea

질병관리본부 질병예방센터 만성질환관리과 정수연

난청, 수면무호흡증<sup>1)</sup>은 사망에 이르지 않지만, 유병률이 높아 삶의 질을 현저히 떨어뜨리고 사회경제적 손실을 유발한다. 난청은 나이가 들수록 그 유병률이 증가하는데, 우리나라 65세 이상 인구에서 일측성 난청 유병률<sup>2)</sup>은 17.5%(남자 14.9%, 여자 23.1%), 양측성 난청 유병률<sup>3)</sup>은

1) 수면무호흡증 : 수면 중 상기도가 막혀서 정상 호흡에 문제가 발생하여, 혈중산소가 떨어지는 질환. 심한 코골이와 주간 졸림 등의 증상을 나타내며 다양한 심뇌혈관질환을 유발함

2) 일측성 난청유병률 : 일측의 순음청력평균치(500, 1000, 2000, 3000Hz의 평균)가 40dB 이상인 분율, 2005년 추계인구로 연령표준화

3) 양측성 난청 유병률 : 양측의 순음청력평균치(500, 1000, 2000, 3000Hz의 평균)가 40dB 이상인 분율, 2005년 추계인구로 연령표준화

4) 무호흡-저호흡지수(Apnea Hypopnea Index): 시간당 무호흡과 저호흡의 횟수

## 난청 예방과 관리를 위한 7대 생활수칙

### 1. 이어폰을 자주 사용하는 등 큰 소리에 장시간 노출되지 않도록 합니다.

- 3시간가량 헤드폰으로 음악을 들려주면 반수 이상이 일시적 청력저하가 나타납니다. 고막에 가깝게 깊이 꽂을 수 있는 이어폰을 사용할 때는 더욱 주의가 필요합니다.
- 소음으로 발생하는 청력 손상은 소음의 강도와 소음에 노출된 시간에 비례합니다. 일반적으로 90dB 이상의 소음은 내이에 손상을 줄 수 있으므로 8시간 이상 노출되지 않도록 하여야 하며 115dB 이상의 소음에는 짧은 시간이라도 노출되어서는 안 됩니다.
- 소리 강도가 90dB 이상인 트럭 소리 등에 하루 8시간 이상, 기계톱 소리와 같은 100dB 소리 강도에 하루 2시간 이상 노출되면 청력 손상이 반드시 일어납니다.
- 소리 강도가 115dB인 록 콘서트, 자동차 경적 소리 등은 하루 15분이 최대 허용 시간입니다. 이보다 더 강한 소리에 노출되면 즉각적인 청력 손상이 발생할 수 있습니다.

### 2. 소음이 심한 곳에서는 적합한 귀마개를 사용합니다.

- 소음은 난청을 초래하는 가장 중요한 환경 요인입니다. 소음이 심한 곳에서는 적합한 청력보호구를 사용하여 난청을 예방합니다.
- 소음에 의한 난청을 예방하려면 85dB 이상의 소음환경에서는 반드시 청력 보호구를 착용합니다.
- 산업 근로자가 난청을 예방하려면 적합한 청력 보호구를 착용해야 하며 착용법과 주의사항을 충분히 숙지하여야 합니다.
- 소음 작업장에서는 작업 시간을 준수하고 소음 노출 후에는 충분한 시간을 통한 소음을 피하여야 합니다.

### 3. 담배는 끊고, 담배 연기에 노출되는 것도 피합니다.

- 술과 담배는 혈관 질환의 주요 악화 요인으로 미세혈관 장애가 발생하여 난청이 일어납니다.
- 스트레스는 혈관 질환의 위험 요인입니다. 베타아드레날린은 스트레스를 받으면 발생하는데 혈관 수축을 유발해 청신경과 청각 세포 기능을 저하하여 청력에 악영향을 주는 것으로 알려져 있습니다.
- 아이들 주변에서는 금연을 합니다. 부모가 흡연자인 가정에서는 아이들의 중이염 발생률이 높습니다. 특히 어머니가 흡연을 하면 간접흡연으로 중이염 발생 빈도를 높입니다.

### 4. 당뇨병, 신부전, 고혈압 등 만성질환은 적극적으로 치료합니다.

- 노년층에 많은 심혈관질환은 미세혈류장애를 일으켜 난청을 유발할 수 있습니다.
- 당뇨병과 이상지질혈증(고지혈증)은 내이로 흘러가는 혈류에 장애를 일으켜 난청이 일어날 수 있습니다.
- 신부전이 악화되면 고음역의 난청을 유발할 수 있습니다.

### 5. 가임기 여성과 소아는 적절한 예방접종을 하여 감염으로 발생하는 난청을 예방합니다.

- 임신 중 감염 또는 신생아, 영아기의 감염으로 난청이 유발될 수 있습니다.
- 따라서 소아에게 홍역-볼거리-풍진 예방접종을 하여 감염으로 발생하는 난청을 막아야 합니다.
- 가임기 여성에게 풍진 항체가 없는 경우 예방접종으로 임신 중 풍진감염을 예방하여 선천성 풍진증후군으로 발생하는 신생아 난청을 줄일 수 있습니다.
- 신생아에서 선별검사를 통한 거대세포 바이러스 감염의 진단과 치료로 난청 발생을 줄일 수 있습니다.

### 6. 모유 수유를 하여 소아중이염을 예방합니다.

- 모유에 포함된 여러 면역 물질은 중이염을 비롯한 영유아의 조기 감염을 예방하는 효과가 있습니다.
- 모유 수유는 적어도 6개월 정도 지속하는 것이 바람직하며, 미국 소아과 학회에 따르면 최소 6개월 이상의 모유 수유가 유소아에서 중이염과 상기도 감염을 예방하는 데 도움을 준다고 합니다.
- 모유 수유 자세는 귀와 코를 연결하는 이관(유스타키오관)의 환기를 원활하게 하여 중이염을 예방합니다. 이와 같은 이유로 모유가 아닌 분유로 수유할 때도 엄마 품에서 모유 수유와 같은 자세로 수유를 하는 것이 좋습니다.

### 7. 외출 후에는 항상 손을 깨끗이 씻어 상기도감염으로 발생하는 소아중이염을 예방합니다.

- 소아중이염은 감기와 같은 상기도 감염 후 발생하는 경우가 흔합니다. 상기도 감염의 발생을 예방하려면 손을 깨끗하게 씻는 등 개인 청결이 중요합니다.
- 유아원, 유치원, 초등학교에 다니는 유소아는 신체 접촉이 많으므로 상기도 감염의 발생 빈도가 높습니다. 따라서 집에 돌아온 후에는 반드시 얼굴과 손을 씻는 습관을 들여야 합니다.

- 손을 씻지 않으면 감기와 같은 상기도 감염의 상대적 위험도는 1.5배까지 증가하는 것으로 알려져 있습니다.
- 일반적인 비누를 사용하더라도 30초 이상 올바른 방법으로 손을 씻는 것이 청결을 유지하는 데에 더 중요합니다. 항생제가 포함된 비누나 손소독 세정제를 사용한다고 해서 항균 작용이 강화되는 것은 아닙니다.

### 수면무호흡증 예방과 관리를 위한 5대 생활수칙

#### 1. 적정 체중을 유지합니다.

- 비만은 코골이와 수면무호흡증이 주요 위험요소입니다.
- 비만해지면 기도 주변과 혀에 지방조직이 증가하여 기도가 좁아지고, 수면 무호흡증이 유발됩니다.
- 비만은 폐기능을 감소시킴으로써 수면무호흡증을 악화시킬 수 있습니다.
- 체중이 10% 증가하면 수면무호흡증의 발생 위험성이 6배 증가하고, 수면무호흡증환자가 체중을 감량하면 호전됩니다.
- 적정 체중은 체질량지수(BMI, body mass index)<sup>5)</sup>를 기준으로 20-23 사이를 말합니다.

#### 2. 술과 담배를 끊습니다.

- 음주와 흡연은 코골이와 수면무호흡증을 악화시킵니다.
- 알코올을 섭취하면 점막의 부종으로 기도가 좁아지며 중추신경계에서 호흡중추를 억제하여 상기도 근육의 힘을 약화시키기 때문에 수면무호흡증이 심해집니다.
- 하루 평균 한 잔의 술을 마시면 수면무호흡증의 위험도는 25% 가량 증가합니다.
- 니코틴 역시 기도의 근육을 약화시켜 기도가 좁아지고 코골이와 수면무호흡증의 원인이 됩니다.
- 하루 2갑 이상 흡연하는 경우 수면무호흡증의 위험도는 7배까지 증가합니다.

#### 3. 코골이, 주간 졸림 등이 있으면 수면무호흡증이 아닌지 의사와 상담합니다.

- 수면무호흡증은 수면 중 발생하는 질환이어서 자가 진단이 어렵기 때문에 코골이, 주간 졸림 등과 같은 증상이 있으면 의사와 상담이 필요합니다.

- 수면무호흡증은 코안, 입천정, 혀, 위턱, 아래턱, 그리고 편도, 인두, 후두 등 상기도의 다양한 부위가 수면 중에 막혀서 유발됩니다.

- 코막힘이 발생하면 숨을 들이쉴 때 상기도와 흉곽에 음압이 증가하여 기도가 좁아지게 됩니다. 따라서 알레르기비염, 축농증, 비중격 만곡증 등 코막힘을 동반할 수 있는 코질환을 미리 발견하여 치료하는 것이 수면무호흡증의 치료에 중요합니다.

#### 4. 심뇌혈관질환을 예방하기 위해 수면무호흡증을 적극적으로 치료합니다.

- 수면무호흡증은 심뇌혈관질환(고혈압, 심장질환, 뇌경색 등)의 주요 원인입니다. 수면무호흡증을 치료하면 심뇌혈관의 발생이 낮아집니다.
- 수면무호흡증 환자의 50%가 고혈압이 있고 고혈압 환자의 30%가 수면무호흡증이 있습니다.
- 수면무호흡증이 있으면 야간 부정맥의 위험도가 2-4배 정도 증가하게 됩니다.
- 수면무호흡증은 뇌경색 등 뇌혈관질환의 위험도를 4-5배 증가시킵니다.

#### 5. 소아의 수면무호흡증은 조기에 치료합니다.

- 소아에서 습관성 코골이의 유병률은 약 7.5% 정도이며 수면무호흡증 유병률은 약 1-4%정도입니다.
- 소아의 수면무호흡증은 이상 행동, 주의력 저하, 학습 장애, 성장 저하, 안면 발달 장애, 삶의 질 저하, 심혈관질환 등의 다양한 합병증을 유발할 수 있습니다.
- 소아는 정신적, 육체적으로 성장기에 있으므로 수면무호흡증의 합병증을 예방하기 위해서는 적극적으로 진단하고 치료해야 합니다.
- 소아의 수면무호흡증은 대부분 편도와 아데노이드 절제술 등 비교적 간단한 수술로 치료가 가능합니다.

5) 체질량 지수 : 몸무게(kg)을 키(m)의 제곱으로 나눈 수치  
예) 키 160cm, 몸무게 60kg 일 때 체질량지수는 60/(1.6)²=23.4



## Current status of selected infectious diseases

### 1. Influenza, Republic of Korea, weeks ending February 4, 2012 (5th week)

- 2012년도 제4주 인플루엔자의사환자 분율은 외래환자 1,000명당 21.1명으로 지난주보다 증가하였으며 유행판단기준(3.8/1,000명)보다 높은 수준임
- 2011-2012절기 들어 총 1,337주(A/H3N2형 1,229주, B형 108주)의 인플루엔자바이러스가 확인됨

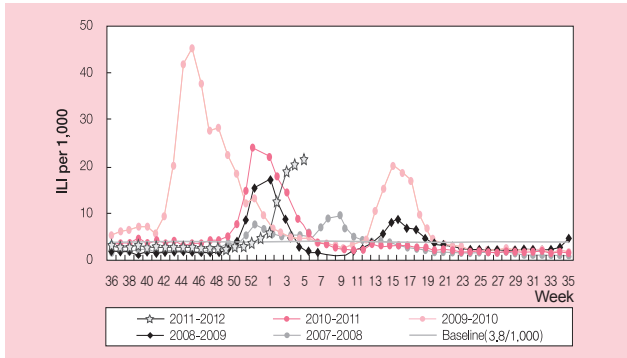


Figure 1. The weekly proportion of influenza-like illness visits per 1,000 patients, 2007-2008 season - 2011-2012 season

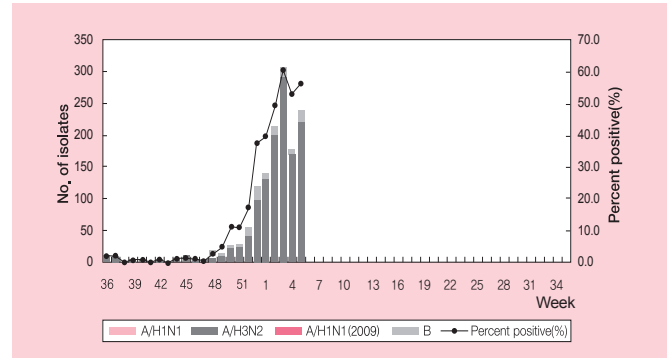


Figure 2. The number of influenza virus isolates, 2011-2012 season

### 2. Respiratory viruses, Republic of Korea, weeks ending February 4, 2012 (5th week)

- 2012년도 제5주 중 425건의 호흡기검체에 대한 유전자 검사결과 총 300건(70.6%)의 호흡기바이러스가 검출되었음
- ※ 주별통계는 잠정통계이므로 변동가능

2012 (week)	No. of tested cases	Weekly total	No. of detected cases(detection rate, %)							
			ADV	PIV	RSV	IFV	hCoV	hRV	hBoV	hMPV
2	433	297 (68.6)	25 (5.8)	2 (0.5)	7 (1.6)	212 (49.0)	18 (4.2)	29 (6.7)	4 (0.9)	0 (0.0)
3	511	383 (75.0)	23 (4.5)	7 (1.4)	7 (1.4)	308 (60.3)	11 (2.2)	21 (4.1)	6 (1.2)	0 (0.0)
4	333	214 (64.3)	11 (3.3)	1 (0.3)	5 (1.5)	177 (53.2)	8 (2.4)	11 (3.3)	1 (0.3)	0 (0.0)
5	425	300 (70.6)	15 (3.5)	4 (0.9)	10 (2.4)	238 (56.0)	11 (2.6)	21 (4.9)	1 (0.2)	0 (0.0)
Cum.*	2,049	1,423 (69.4)	99 (4.8)	17 (0.8)	41 (2.0)	1,072 (52.3)	74 (3.6)	108 (5.3)	12 (0.6)	0 (0.0)

- ADV : adenovirus, PIV : parainfluenzavirus, RSV : Respiratory syncytial virus, IFV : influenza virus(except for pandemic influenza virus), hCoV : coronavirus, hRV : rhinovirus, hBoV : human bocavirus, hEV : human metapneumovirus

\*Cum. : the total No. of tested cases between Dec. 26. 2010 - Feb. 4, 2012, \*hMPV Cum.: Jul. 3, 2011 - Feb. 4, 2012

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

### 1. Pneumonia and Influenza (P&I) mortality, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012 (4th week)

- 2012년도 제4주 병원기반 감시체계 참여병원의 전체 사망자 중 폐렴 및 인플루엔자(사망진단서 기준) 사망률은 5.1%임

unit: reported case

4th week	Age group (years)					
	All Ages	0~9	10~19	20~49	50~69	70≤
All Causes	565 <sup>†</sup>	8	3	75	210	269
P&I <sup>†</sup>	29	1	0	3	8	17

\* Mortality data in this table are reported from 96 hospitals.

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

<sup>†</sup> Pneumonia and influenza (KCD code J09-J18).

**Table 1. Provisional cases of reported notifiable diseases-Republic of Korea, week ending January 28, 2012 (4th Week)\***

unit: reported case<sup>†</sup>

Disease <sup>‡</sup>	Current week	Cum. 2012	5-year weekly average <sup>††</sup>	Total cases reported for previous years					Imported cases of current week : Country (reported case)
				2011	2010	2009	2008	2007	
Cholera	-	-	-	3	8	-	5	7	
Typhoid fever	1	10	3	150	133	168	188	223	Indonesia(1)
Paratyphoid fever	1	2	1	56	55	36	44	45	Cambodia(1)
Shigellosis	2	9	4	171	228	180	209	131	India(1)
EHEC	-	1	-	71	56	62	58	41	
Viral hepatitis A <sup>§</sup>	28	95	53	5,521	-	-	-	-	United States of America(1)
Pertussis	1	9	1	97	27	66	9	14	
Tetanus	-	-	-	19	14	17	16	8	
Measles	-	4	-	42	114	17	2	194	
Mumps	59	317	51	6,222	6,094	6,399	4,542	4,557	
Rubella	1	2	1	54	43	36	30	35	
Viral hepatitis B <sup>§§</sup>	22	130	28	1,723	-	-	-	-	
Japanese encephalitis	-	-	-	4	26	6	6	7	
Varicella	484	3,009	458	36,262	24,400	25,197	22,849	20,284	
Malaria	-	3	2	847	1,772	1,345	1,052	2,227	
Scarlet fever	11	63	3	407	106	127	151	146	
Meningococcal meningitis	-	-	-	7	12	3	1	4	
Legionellosis	-	1	-	28	30	24	21	19	
<i>Vibrio vulnificus</i> sepsis	-	-	-	51	73	24	49	59	
Murine typhus	-	2	-	24	54	29	87	61	
Scrub typhus	7	49	6	5,164	5,671	4,995	6,057	6,022	
Leptospirosis	-	1	-	49	66	62	100	208	
Brucellosis	-	1	1	19	31	24	58	101	
Rabies	-	-	-	1	-	-	-	-	
HFRS	2	25	4	370	473	334	375	450	
Syphilis <sup>§</sup>	9	40	10	964	-	-	-	-	
CJD/vCJD <sup>§</sup>	-	-	1	29	-	-	-	-	
Dengue fever	-	2	2	72	125	59	51	97	
Botulism	-	-	-	1	-	1	-	-	
Q fever	-	-	-	8	13	14	19	12	
Lyme Borreliosis	-	-	-	2	-	-	-	-	
Melioidosis	-	-	-	1	-	-	-	-	
Tuberculosis	516	2,783	725	40,878	36,305	35,845	34,157	34,710	
HIV/AIDS	10	28	13	879	773	768	797	740	

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

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

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

\* Incidence data for reporting year 2011, 2012 is provisional, whereas data for 2006, 2007, 2008, 2009 and 2010 are finalized.

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

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

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

¶ Calculated by summing the incidence counts for the current week, the 2 weeks preceding the current week, and the 2 weeks following the current week, for a total of 5 preceding years(For Viral hepatitis A, Viral hepatitis B, Syphilis, CJD/vCJD, Lyme Borreliosis, Melioidosis, this calculation used 1 year data(2011) only, because of being designated as of December 30,2010).

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

Table 2. Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012 (4th Week)\*

unit: reported case†

Reporting area	Cholera		Typhoid fever		Paratyphoid fever		Shigellosis		Enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i>		Viral hepatitis A‡		Pertussis		Tetanus					
	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012				
Total	-	-	1	10	12	1	2	2	9	16	-	1	-	28	95	175	1	9	-	-
Seoul	-	-	-	3	2	-	1	-	2	2	-	-	6	16	45	1	1	-	-	-
Busan	-	-	-	-	2	-	-	-	-	2	-	-	1	2	2	-	-	-	-	-
Daegu	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-
Incheon	-	-	-	-	1	-	1	2	3	1	-	-	2	14	31	-	-	-	-	-
Gwangju	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-
Daejeon	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	7	-	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	1	4	3	-	-	2	2	2	-	-	13	39	44	-	-	2	-	-
Gangwon	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	12	-	-	-	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	10	-	-	-	-	-	-
Chungnam	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	1	4	7	-	-	1	-	-
Jeonbuk	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	-	3	3	3	-	-	-	-	-
Jeonnam	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	-	1	2	2	-	-	-	-	-
Gyeongbuk	-	-	-	1	1	1	1	-	-	2	-	-	4	4	4	-	-	-	-	-
Gyeongnam	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	-	-	-	-	4	-	-	1	-	-
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

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

\* Incidence data for reporting years 2011, 2012 are provisional, whereas data for 2005, 2006, 2007, 2008, 2009 and 2010 are finalized.

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

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

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

Table 2. Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012 (4th Week)\*

Reporting area	Measles		Mumps		Rubella		Viral hepatitis B <sup>†</sup>		Japanese encephalitis		Varicella		Malaria		Scarlet fever								
	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012							
Total	-	4	-	59	317	239	1	2	-	22	130	75	-	-	484	3,009	2,197	-	3	7	11	63	9
Seoul	-	1	-	10	56	27	-	-	3	11	9	9	-	-	57	405	230	-	-	1	3	14	1
Busan	-	-	-	5	19	8	-	-	2	20	5	5	-	-	47	212	266	-	-	-	-	3	2
Daegu	-	-	-	2	12	29	-	-	1	10	12	12	-	-	33	185	162	-	-	-	-	-	1
Incheon	-	-	-	9	43	50	1	1	2	6	4	4	-	-	36	239	199	-	1	3	4	11	1
Gwangju	-	-	-	1	1	6	-	-	4	10	1	1	-	-	9	58	50	-	-	-	-	10	-
Daejeon	-	-	-	4	22	7	-	-	-	-	2	2	-	-	10	60	44	-	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	1	7	16	-	-	-	2	14	14	-	-	17	122	79	-	-	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	-	4	52	52	1	1	3	23	8	8	-	-	118	854	517	-	1	3	2	15	1
Gangwon	-	-	-	5	15	8	-	-	4	19	2	2	-	-	38	220	216	-	1	-	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	5	8	11	-	-	2	9	7	7	-	-	13	67	67	-	-	-	-	-	-
Chungnam	-	-	-	-	4	4	-	-	-	-	4	4	-	-	12	86	36	-	-	-	-	-	1
Jeonbuk	-	1	-	1	5	1	-	-	1	5	2	2	-	-	3	39	38	-	-	-	-	1	1
Jeonnam	-	-	-	-	9	2	-	-	-	4	1	1	-	-	15	62	56	-	-	-	-	-	-
Gyeongbuk	-	1	-	1	6	6	-	-	-	2	3	3	-	-	12	89	78	-	-	-	-	2	1
Gyeongnam	-	-	-	4	21	5	-	-	-	9	1	1	-	-	26	204	83	-	-	-	1	6	-
Jeju	-	1	-	7	37	7	-	-	-	-	-	-	-	-	37	106	76	-	-	-	1	1	-
unknown	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-

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

\* Incidence data for reporting years 2011, 2012 are provisional, whereas data for 2005, 2006, 2007, 2008, 2009 and 2010 are finalized.

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

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

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



Table 2. Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012 (4th Week)\*

unit: reported case†

Reporting area	Meningococcal meningitis		Legionellosis		Vibrio vulnificus sepsis		Murine typhus		Scrub typhus		Leptospirosis		Brucellosis		Rabies	
	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 5-year average§	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 5-year average§
Total	-	-	1	1	-	-	2	-	7	49	32	1	1	-	1	2
Seoul	-	-	1	1	-	-	-	2	4	3	-	-	-	-	-	-
Busan	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	3	-	-	-	-	-
Daegu	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Incheon	-	-	-	-	-	-	-	1	4	1	-	-	-	-	-	-
Gwangju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-
Daejeon	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-
Ulsan	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-
Gyeonggi	-	-	-	-	-	-	-	2	5	5	-	-	1	-	-	-
Gangwon	-	-	1	1	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-
Chungbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-
Chungnam	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3	-	-	-	-	-	-
Jeonbuk	-	-	-	-	-	-	1	-	3	4	-	-	-	1	-	-
Jeonnam	-	-	-	-	-	-	-	-	6	4	-	-	-	-	-	-
Gyeongbuk	-	-	-	-	-	-	-	-	3	2	-	-	-	-	2	-
Gyeongnam	-	-	-	-	-	-	-	1	11	2	-	-	-	-	-	-
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-

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

\* Incidence data for reporting years 2011, 2012 are provisional, whereas data for 2005, 2006, 2007, 2008, 2009 and 2010 are finalized.

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

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

Table 2. Provisional cases of selected notifiable diseases, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012 (4th Week)\*

Reporting area	unit: reported case <sup>†</sup>																
	Hemorrhagic fever with renal syndrome		Syphilis <sup>‡</sup>		CJD/vCJD <sup>‡</sup>		Dengue fever		Q fever		Lyme Borreliosis		Melioidosis		Tuberculosis		
	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	Current week	Cum. 2012	
Total	2	25	22	9	40	28	-	3	-	5	-	1	-	-	516	2,783	2,701
Seoul	1	3	3	2	7	2	-	1	-	1	-	-	-	-	122	707	738
Busan	-	3	-	1	5	2	-	-	-	1	-	-	-	-	59	267	281
Daegu	-	-	-	-	1	1	-	-	-	1	-	-	-	-	40	205	164
Incheon	-	2	1	2	8	4	-	1	-	-	-	-	-	-	24	119	124
Gwangju	-	1	-	-	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	11	123	76
Daejeon	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18	94	88
Ulsan	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	13	70	74
Gyeonggi	-	3	6	2	9	4	-	-	1	2	-	-	-	-	103	491	401
Gangwon	-	2	1	2	2	1	-	1	-	-	-	-	-	-	21	92	112
Chungbuk	-	1	1	-	1	3	-	-	-	-	-	1	-	-	8	50	59
Chungnam	-	4	2	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	8	55	99
Jeonbuk	-	2	3	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18	103	99
Jeonnam	-	1	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	12	100	83
Gyeongbuk	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	25	106	109
Gyeongnam	1	2	1	-	3	2	-	-	-	-	-	-	-	-	26	170	167
Jeju	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8	31	27

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

\* Incidence data for reporting years 2011, 2012 are provisional, whereas data for 2005, 2006, 2007, 2008, 2009 and 2010 are finalized.

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

‡ Surveillance system for Syphilis, CJD/vCJD was altered from Sentinel Surveillance System to National Infectious Disease Surveillance System as of December 30, 2010.

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

**Table 3. Provisional cases of reported sentinel surveillance disease, Republic of Korea, weeks ending January 28, 2012(4th Week)**

unit: case<sup>†</sup>/sentinel

	Viral hepatitis						Sexually Transmitted Diseases								
	Hepatitis C			Gonorrhea			Chlamydia			Genital herpes			Condyloma acuminata		
	Current week	Cum. 2012	Cum. 5 year average <sup>§</sup>	Current week	Cum. 2012	Cum. 5 year average <sup>§</sup>	Current week	Cum. 2012	Cum. 5 year average <sup>§</sup>	Current week	Cum. 2012	Cum. 5 year average <sup>§</sup>	Current week	Cum. 2012	Cum. 5 year average <sup>§</sup>
Total	2.4	5.8	7.7	1.3	2.7	2.8	2.4	3.8	4.3	2.1	4	3.7	1.5	2.6	2.4

unit: case per 1,000 outpatients

Hand, Foot and Mouth Disease(HFMD)		
Current week	Cum. 2012	Cum. 2011
0.5	0.4	0.5

-: No reported cases. Cum: Cumulative counts of the year from 1st week to current week.  
 \* Above data for reporting years 2011 and 2012 are provisional.  
 † Reported cases contain all case classifications (Confirmed, Suspected, Asymptomatic carrier) of the disease, respectively.  
 § Calculated by averaging the cumulative counts from 1st week to current week, for a total of 5 preceding

**주요통계 이해하기**

〈Table 1〉은 주요 법정감염병의 지난 5년간 발생과 해당 주의 발생 현황을 비교한 표로, 「Current week」는 해당 주의 보고 건수를 나타내며, 「Cum. 2012」은 2012년 1주부터 해당 주까지의 누계 건수, 그리고 「5-year weekly average」는 지난 5년(2007-2011년)의 해당 주의 보고 건수와 이전 2주, 이후 2주 동안의 보고 건수(총 25주) 평균으로 계산된다. 그러므로 「Current week」와 「5-year weekly average」에서의 보고 건수를 비교하면 주 단위로 해당 시점에서의 보고 수준을 예년의 보고 수준과 비교해 볼 수 있다. 「Total cases reported for previous years」는 지난 5년간 해당 감염병의 보고 총수를 나타내는 확정 통계이며 연도별 보고 건수 현황을 비교해 볼 수 있다.

예) 2012년 12주의 「5-year weekly average(5년간 주 평균)」는 2007년부터 2011년의 10주부터 14주까지의 보고 건수를 총 25주로 나눈 값으로 구해진다.

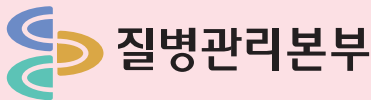
\* 5-year weekly average(5년 주 평균) =  $(X_1 + X_2 + \dots + X_{25}) / 25$

	10주	11주	12주	13주	14주
			해당 주		
2012년					
2011년	X <sub>1</sub>	X <sub>2</sub>	X <sub>3</sub>	X <sub>4</sub>	X <sub>5</sub>
2010년	X <sub>6</sub>	X <sub>7</sub>	X <sub>8</sub>	X <sub>9</sub>	X <sub>10</sub>
2009년	X <sub>11</sub>	X <sub>12</sub>	X <sub>13</sub>	X <sub>14</sub>	X <sub>15</sub>
2008년	X <sub>16</sub>	X <sub>17</sub>	X <sub>18</sub>	X <sub>19</sub>	X <sub>20</sub>
2007년	X <sub>21</sub>	X <sub>22</sub>	X <sub>23</sub>	X <sub>24</sub>	X <sub>25</sub>

〈Table 2〉는 16개 시·도 별로 구분한 법정감염병보고 현황을 보여 주고 있으며, 각 감염병별로 「Cum. 5-year average」와 「Cum. 2012」을 비교해 보면 최근까지의 누적 보고 건수에 대한 이전 5년 동안 해당 주까지의 평균 보고 건수와의 비교가 가능하다. 「Cum. 5-year average」는 지난 5년(2007-2011년) 동안의 동기간 보고 누계 평균으로 계산된다.

〈Table 3〉은 주요 표본감시대상 감염병에 대한 보고 현황을 보여주는데, 표본감시 대상 감염병 통계산출 단위인 case/total outpatient(환자분율)은 수족구병환자수를 전체 외래방문환자수로 나눈 값으로 계산되며, 「Cum. 2012」과 「Cum. 2011」은 각각 2012년과 2011년 1주부터 해당 주까지 누계 건수에 대한 환자분율로 계산된다.

〈Table 3〉은 표본감시감염병들의 최근 발생 양상을 신속하게 파악하는데 도움이 된다.



## 주간건강과 질병

[www.cdc.go.kr/phwr](http://www.cdc.go.kr/phwr)

2012년 2월 10일 제5권 / 제6호 / ISSN:2005-811X

### PUBLIC HEALTH WEEKLY REPORT, KCDC

주간건강과질병은 질병관리본부가 보유한 각종 감시 및 조사사업, 연구자료에 대한 종합, 분석을 통하여 근거에 기반한 질병과 건강 관련 정보를 제공하고자 최선을 다하고 있습니다.

주간건강과질병에서 제공되는 감염병통계는 감염병예방법에 의거하여 국가감염병감시체계를 통해 신고된 자료를 기초로 집계된 것이며, 당해년도 자료는 의사환자 단계에서 신고된 후 확진결과가 나오거나 다른 병으로 확인되는 경우 수정되므로 변동 가능한 잠정 통계입니다.

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

주간건강과질병에 대하여 궁금하신 사항은 [phwr@korea.kr](mailto:phwr@korea.kr)로 문의하여 주시기 바랍니다.

창 간 : 2008년 4월 4일

발 행 : 2012년 2월 10일

발 행 인 : 전병율

편 집 인 : 조명찬, 권준욱, 이덕형, 성원근, 이주실, 한복기

편집위원 : 강 춘, 김성수, 김성순, 김영택, 문진웅, 박미선, 박선희, 박 옥, 박현영, 박혜경, 배근량, 송지현, 윤승기, 이종영, 이영선, 정홍수, 김귀향, 김남희, 조미은

편 집 : 질병관리본부 감염병관리센터 감염병감시과

충북 청원군 강외면 오송생명 2로 187 오송보건의료행정타운 (우)363-951

Tel. (043)719-7164, 7173 Fax. (043)719-7189 <http://www.cdc.go.kr/phwr>

발간등록번호 : 11-1351159-000002-03