



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 17, No. 45, November 21, 2024

Content

연구 논문

1927 국내 기후보건 연구 현황 분석

조사/감시 보고

1941 2019-2022년 국내 수인성 · 식품매개감염병 원인세균 병원체
감시현황

1956 2023-2024년 국내에서 발생한 빈대의 분포 조사

Supplements

주요 감염병 통계



KDCA

Korea Disease Control and
Prevention Agency

Aims and Scope

주간 건강과 질병(*Public Health Weekly Report*) (약어명: *Public Health Wkly Rep*, PHWR)은 질병관리청의 공식 학술지이다. 주간 건강과 질병은 질병관리청의 조사·감시·연구 결과에 대한 근거 기반의 과학적 정보를 국민과 국내·외 보건의료인 등에게 신속하고 정확하게 제공하는 것을 목적으로 발간된다. 주간 건강과 질병은 감염병과 만성병, 환경기인성 질환, 손상과 중독, 건강증진 등과 관련된 연구 논문, 유행 보고, 조사/감시 보고, 현장 보고, 리뷰와 전망, 정책 보고 등의 원고를 게재한다. 주간 건강과 질병은 전문가 심사를 거쳐 매주 목요일(연 50주) 발행되는 개방형 정보열람(Open Access) 학술지로서 별도의 투고료와 이용료가 부과되지 않는다.

저자는 원고 투고 규정에 따라 원고를 작성하여야 하며, 이 규정에 적시하지 않은 내용은 국제의학학술지편집인협의회(International Committee of Medical Journal Editors, ICMJE)의 Recommendations for the Conduct, Reporting, Editing, and Publication of Scholarly Work in Medical Journals (<https://www.icmje.org/>) 또는 편집위원회의 결정에 따른다.

About the Journal

주간 건강과 질병(eISSN 2586-0860)은 2008년 4월 4일 창간된 질병관리청의 공식 학술지이며 국문/영문으로 매주 목요일에 발행된다. 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 알린다. 본 학술지의 전문은 주간 건강과 질병 홈페이지(<https://www.phwr.org/>)에서 추가비용 없이 자유롭게 열람할 수 있다. 학술지가 더 이상 출판되지 않을 경우 국립중앙도서관(<http://nl.go.kr>)에 보관함으로써 학술지 내용에 대한 전자적 자료 보관 및 접근을 제공한다. 주간 건강과 질병은 오픈 액세스(Open Access) 학술지로, 저작물 이용 약관(Creative Commons Attribution Non-Commercial License: <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>)에 따라 비상업적 목적으로 사용, 재생산, 유포할 수 있으나 상업적 목적으로 사용할 경우 편집위원회의 허가를 받아야 한다.

Submission and Subscription Information

주간 건강과 질병의 모든 논문의 접수는 온라인 투고시스템(<https://www.phwr.org/submission>)을 통해서 가능하며 논문투고 시 필요한 모든 내용은 원고 투고 규정을 참고한다. 주간 건강과 질병은 주간 단위로 홈페이지를 통해 게시되고 있으며, 정기 구독을 원하시는 분은 이메일(phwrcdc@korea.kr)로 성명, 소속, 이메일 주소를 기재하여 신청할 수 있다.

기타 모든 문의는 전화(+82-43-719-7557, 7552, 7561, 7562), 팩스(+82-43-719-7569) 또는 이메일(phwrcdc@korea.kr)을 통해 가능하다.

발행일: 2024년 11월 21일

발행인: 지영미

발행처: 질병관리청

편집사무국: 질병관리청 질병감시전략담당관
(28159) 충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운
전화. +82-43-719-7557, 7552, 7561, 7562, 팩스. +82-43-719-7569
이메일. phwrcdc@korea.kr
홈페이지. www.phwr.org

편집제작: ㈜메드랑
(04521) 서울시 중구 무교로 32, 효령빌딩 2층
전화. +82-2-325-2093, 팩스. +82-2-325-2095
이메일. info@medrang.co.kr
홈페이지. <http://www.medrang.co.kr>

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>) which permits unrestricted noncommercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

편집위원장

최보울

한양대학교 의과대학

부편집위원장

곽진

전북대학교 의과대학

손현진

동아대학교 의과대학

류소연

조선대학교 의과대학

염준섭

연세대학교 의과대학

박지혁

동국대학교 의과대학

하미나

단국대학교 의과대학

편집위원

고현선

가톨릭대학교 의과대학 서울성모병원

권윤형

질병관리청

김동현

한림대학교 의과대학

김성순

질병관리청

김수영

한림대학교 의과대학

김용우

질병관리청 국립보건연구원

김윤희

인하대학교 의과대학

김은진

질병관리청

김중곤

서울의료원

김호

서울대학교 보건대학원

박영준

질병관리청

백선경

질병관리청

송경준

서울대학교병원운영 서울특별시보라매병원

송진수

서울대학교 의과대학

신다연

인하대학교 자연과학대학

안정훈

이화여자대학교 신산업융합대학

엄중식

가천대학교 의과대학

오경원

질병관리청

오주환

서울대학교 의과대학

유석현

가톨릭대학교 의과대학

유영

고려대학교 의과대학

유효순

질병관리청

이경주

국립재활원

이선희

부산대학교 의과대학

이윤환

아주대학교 의과대학

이재갑

한림대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 의과대학

이형민

질병관리청

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

가천대학교 의과대학

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

김시우

질병관리청

이정민

질병관리청

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

이은영

질병관리청

원고편집인

조소연

(주)메드랑

국내 기후보건 연구 현황 분석

황주연¹ , 최종혁² , 권호장² , 안윤진^{1*} ¹질병관리청 건강위해대응관 기후보건·건강위해대비과, ²단국대학교 의과대학 예방의학교실

초 록

폭염으로 인한 온열질환자 발생 등 전 지구적 이상기후 발생 빈도와 강도가 증가함에 따라 국민들의 건강 피해 우려가 심화되고 있다. 본 연구에서는 기후변화에 따른 국민건강영향평가에 필요한 기초자료를 확보하고, 연구 현황, 수요 및 우선순위를 파악하고자, 국내 기후보건 분야의 연구논문에 대한 체계적인 문헌 정보 분석을 수행하였다. 분석 결과, 기후재난의 신체적·정신적 직간접 건강 영향 및 관련 현장조사체계에 대한 연구가 부족한 것으로 나타났으며, 또한 기후 취약성(민감집단, 취약지역 발굴 등) 분석 및 기후보건 적응 연구와 정책효과에 대한 평가 연구 등이 미미하였다. 특히 미래 예측 및 발생 가능한 피해 예방을 위한 모델링 연구 필요성을 확인하였다. 기후 탄력성 및 회복력 제고를 위하여 과학적 근거 기반의 신규 지표 발굴 및 평가 영역 확대 등 실행·지속 가능한 감시 및 평가방안을 수립하여, 향후 제2차 기후보건영향평가 결과를 바탕으로 국민 소통에 적극 활용해 나갈 것이다.

주요 검색어: 기후변화; 연구현황; 건강영향; 보건정책

서 론

기후변화로 인한 광범위한 직간접 영향으로 보건시스템의 취약성 및 건강 불평등 악화 등 글로벌 공중보건 위협이 가중되고 있다. 세계보건기구(World Health Organization)는 기후변화 및 보건 부분을 우선순위 전략 목표 중 하나로 지정하고, 기후 탄력적 건강 시스템 강화 및 저탄소 건강 사회 촉진을 위한 글로벌 규모의 계획(general programme of work, 2025-2028)을 발표하였다[1]. 유엔 기후변화에 관한 정부 간 협의체(Intergovernmental Panel on Climate Change)가 발간한 제

6차 종합 평가보고서에 따르면, 기후변화로 인한 주요 위험요인으로 폭염이나 매개체 감염병 외에 식량·식수 안보, 경제 영향, 생계, 기아 등 포괄적이고 광범위한 문제를 다루고 있으며, 동아시아 지역에서 증가 및 감소가 예상되는 기후영향요인 및 재난 위험을 제시하고 있다.

전 세계 국가들은 기후위기에 따른 건강 영향을 최소화하고자 다양한 전략적 접근을 시도하고 있다. 영국은 「기후변화법(2008년 제정)」에 근거하여 기후변화위험평가(Climate Change Risk Assessment), 국가적응프로그램(National Adaptation Programme) 및 적응보고제도(Adaptation Reporting

Received September 11, 2024 Revised October 10, 2024 Accepted October 11, 2024

*Corresponding author: 안윤진, Tel: +82-43-219-2950, E-mail: carotene@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



KDCA

Korea Disease Control and Prevention Agency

핵심요약

① 이전에 알려진 내용은?

폭염으로 인한 온열질환자 발생 등 전 지구적 이상기후 발생 빈도와 강도가 증가함에 따라 해외 주요국은 기후변화와 건강에 대한 다각도의 조사·연구 및 기후영향평가를 수행하고 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

국내 기후보건 관련 연구 현황 분석 결과, 폭염 노출에 대한 총 사망 관련 연구가 대부분이며, 기후변화 취약집단, 취약 지역 및 적응 연구, 기후재난(집중호우, 홍수, 태풍, 산사태, 산불 등), 현장조사체계 연구, 정책효과평가 및 미래 시나리오 기반 예측 모델링 연구 등이 부족한 것으로 나타났다.

③ 시사점은?

국내 기후보건 연구 현황 조사를 실시하여 전반적인 연구 수요 및 우선순위를 파악하고 정리하였다는 점에서 그 의의가 있다. 앞으로 제2차 기후보건영향평가 지표 발굴 및 활용성 강화를 위한 지속적인 조사와 다각적 심층 분석 연구가 필요하다.

Power)를 중심으로 기후변화 영향평가와 적응 정책을 수립·이행하고 있다[2]. 보건안보청(UK Health Security Agency, 2021.4 설립)은 기후변화 건강영향에 대한 이해와 의사결정 지원을 위한 기후건강보고서(Health Effects of Climate Change)를 발간하고 있으며, 2023년 제4차 보고서는 전문가 약 90명이 참여하여 기후보건을 중심으로 총 15개 장을 독립적으로 개발·작성하였다[3]. 또한 악천후로부터 지역사회 회복력 구축 및 건강보호를 위해 악천후 건강 계획을 발표하였다[4]. 미국 질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention)는 국립해양대기청(National Oceanic and Atmospheric Administration) 산하 국립기상청(National Weather Service)과 협력하여, 열 노출 위험으로부터 국민건강 보호를 위한 새로운 열 건강 계획(Heat & Health Initiative)을 발표하고, 전국 단위 폭염예보(HeatRisk Forecast), 폭염 위험 대시보드(HeatRisk Dashboard) 및 임상 가이드라인

(Clinical Guidance) 정보 서비스를 제공하고 있다[5]. 「지구변화연구법(1990년 제정)」에 근거하여 4년마다 국가기후평가(National Climate Assessment) 보고서를 발간하고 있으며, 제5차 보고서에 따르면 이상기상현상 등 기후변화로 인한 재해 발생 빈도와 피해 규모가 지난 1980년대에 비해 증가하고 있다고 밝혔다[6]. 건강과 기후변화에 대한 란셋 카운트다운 보고서(2023 Lancet Countdown Report)는 최근 10년간(2013-2022년) 열사병으로 사망한 65세 이상 고령자의 연평균 사망자 수가 지난 10년(1991-2000년) 대비 85%나 급증하였으며, 건강 중심의 기후 행동 및 대응 필요성을 강조하고 있다[7].

본 연구에서는 기후변화에 따른 국민건강영향평가에 필요한 연구 근거를 확보하고, 연구 현황, 수요 및 우선순위를 파악하고자, 국내 기후보건 분야의 연구논문에 대한 체계적인 문헌 정보 분석을 수행하였다. 2026년 제2차 평가 시행을 위하여 신규 지표 발굴 및 평가 영역 확대 등 정밀한 과학적 조사·연구 및 중장기적 방향성을 고찰하고 건강영향 부문을 발전시켜, 향후 2차 평가 결과를 바탕으로 국민 소통에 적극 활용해 나갈 것이다.

방 법

국내 연구 현황을 파악하기 위해, 문헌 검색식을 기준으로 국제적으로 보건의료 분야에서 가장 많이 이용되고 있는 국외 학술논문 데이터베이스인 PubMed를 활용하였고, 스크리닝된 논문들을 검토하여 한국의 기후변화 관련 건강영향 역학 연구가 해당논문 문헌정보에 포함되어 있는 경우 수기로 문헌정보 목록에 포함시켰다. 연구 주제와 관련성에 대해 수기 검색을 통해 문헌 정보를 수집하였다. 문헌을 조사하기 위해 활용한 검색 키워드는 총 6개의 카테고리(한국, 기후변화, 기후변화 관련 용어, 기온, 기후재난, 그 외 관련 용어)로 구분하여 출판 논문 검색을 수행하였다. 또한 국내에서 수행된 연구만 포

표 1. 국내 기후보건 관련 출판 논문 검색식

구분	검색 단어
한국	((한국[제목/초록]) 또는 (남한[제목/초록]) 또는 (대한민국[제목/초록]))
연산자	그리고
기후변화	(기후변화*[제목/초록])
연산자	그리고
기후변화 관련 용어	((온난화[제목/초록]) 또는 (지구 온난화[제목/초록]) 또는 (온실 가스[제목/초록]) 또는 (온실 효과*[제목/초록]) 또는 (이상 기후*[제목/초록]) 또는 (이상 기상*[제목/초록]) 또는 (이상 현상*[제목/초록]))
연산자	또는
기온	(온도*[제목/초록]) 또는 (기온 변화*[제목/초록]) 또는 (이상 기온*[제목/초록]) 또는 (대기 온도*[제목/초록]) 또는 (대기 기온*[제목/초록]) 또는 (고온*[제목/초록]) 또는 (열*[제목/초록]) 또는 (폭염*[제목/초록]) 또는 (열파*[제목/초록]) 또는 (고 기온*[제목/초록]) 또는 (고 대기 온도*[제목/초록]) 또는 (추위*[제목/초록]) 또는 (한파*[제목/초록]) 또는 (저 온도*[제목/초록]) 또는 (저 대기 온도*[제목/초록]))
연산자	또는
기후재난	(강수*[제목/초록]) 또는 (산불*[제목/초록]) 또는 (침수*[제목/초록]) 또는 (홍수[제목/초록]) 또는 (폭풍*[제목/초록]) 또는 (가뭄*[제목/초록]) 또는 (해수면*[제목/초록]) 또는 (열대 저기압*[제목/초록]))
연산자	또는
그 외 관련 용어	(감염병*[제목/초록]) 또는 (영양실조*[제목/초록]) 또는 (정신건강[제목/초록]) 또는 (이주*[제목/초록]) 또는 (작물생산*[제목/초록]) 또는 (식량생산*[제목/초록]) 또는 (물공급[제목/초록]) 또는 (에코시스템[제목/초록]) 또는 (종 손실*[제목/초록]))

*Truncation (절단검색).

합하기 위하여 ‘Korea’ 또는 ‘South Korea’ 또는 ‘Republic of Korea’를 포함하는 문헌으로 제한하였다. 검색 키워드 및 연산식은 연구진 검토와 전문가 자문을 통해 확정하였다(표 1).

문헌 검색 단계에서 제목과 초록 및 주요 용어를 바탕으로 PubMed 데이터로부터 203건 및 수기 검색 7건을 포함한 총 210개의 연구논문을 확보하였다. 우리는 포함 기준을 주제(다국가/다도시 연구 포함)가 한국의 기후변화 관련 건강영향 역학연구이면서 동료 심사를 거쳐 학술지에 게재된 학술논문, 영문으로 출판된 논문으로 삼았으며, 제외 기준은 전문 형태가 확인 불가한 문헌, 기후변화 주제에서 벗어난 연구, 직접적인 건강영향연구 주제가 아닌 경우(동물, 식물, 매개체, 생태계, 노출평가, 경제, 물요구량, 식품생산량, 에너지소비 등)로 하였다. 이러한 기준에 따라 총 138건을 제외하고 최종적으로 총 72건의 연구논문을 선별·선정하였다(그림 1).

결 과

국내 기후보건 관련 문헌 검토 결과 18년간(2006-2023년) 수행된 연구논문은 총 72건으로 나타났다. 연도별로는 2018년도에 11건으로 출판 건수가 가장 많았고(보충 그림 1; available online), 연도별 연구 주제의 트렌드를 파악하기 위해 총 72개 연구논문을 대상으로 주요 색인어(키워드)로 태그하여 다빈도 주요 단어(상위 10개) 및 연도별 출연 빈도수 변화를 확인하였다. 2014년에 기후보건 부문의 관련 단어들의 동시출연이 전반적으로 높게 나타났으며, 2018년 이후 폭염, 기온, 사망률 단어의 빈도가 높았다. 출판건수가 많았던 해인 2022년, 2018년 및 2014년도에는 비례적으로 기후 변화 및 건강 주제어의 빈도수가 높게 나타났으며, 2020년도에는 기온이 가장 높은 빈도의 단어로 확인되었다(그림 2). 기후변화 요인별 건강 결과 연구의 교차 분율을 분석한 결과, 폭염에 대한 총 사망 연구가 가장 많았으며, 폭염을 중심으로 다양한 건강결과에 대한 연구결과가 발표되었음을 확인하였다. 그러나

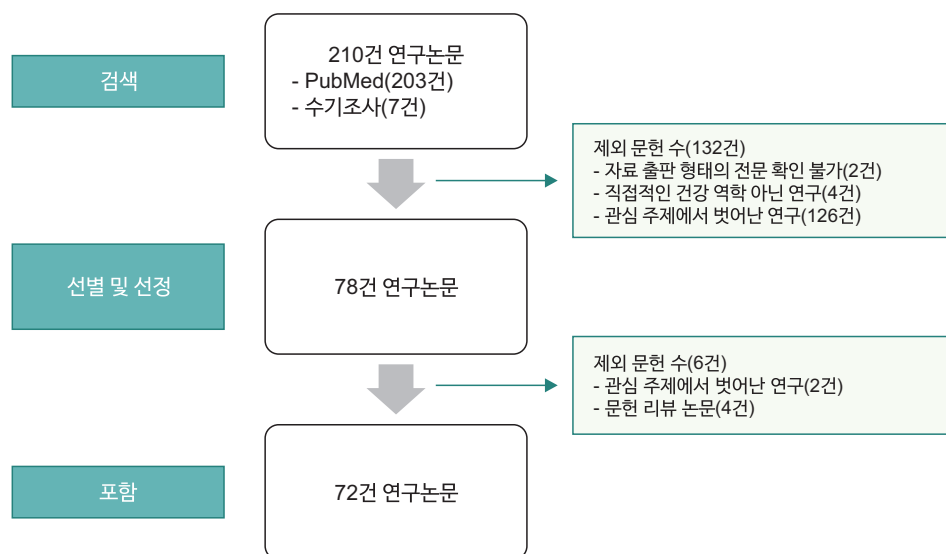


그림 1. 국내 기후보건 연구 현황 분석 흐름도

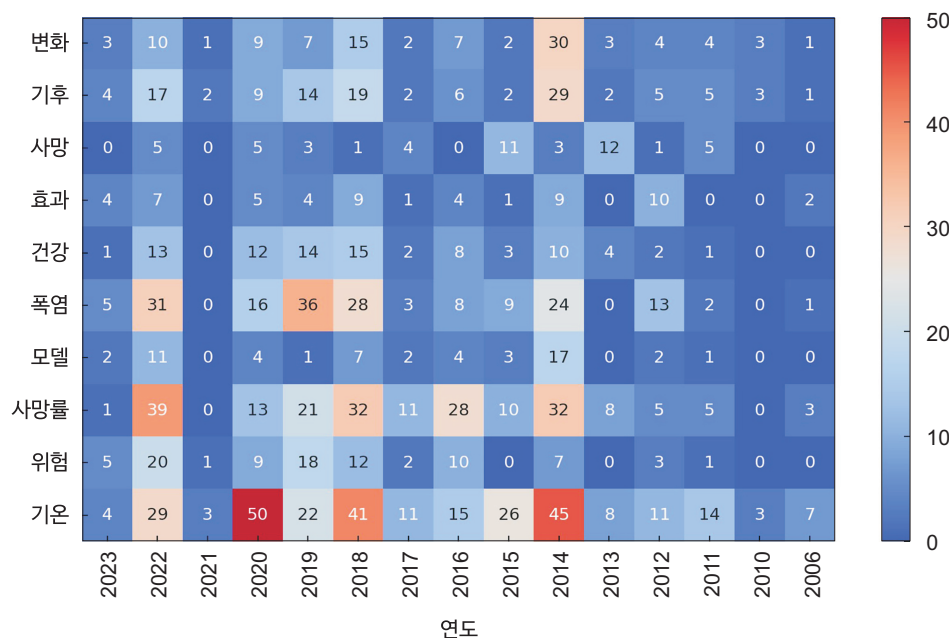


그림 2. 국내 기후보건 관련 연도별 주요 단어 트렌드
빈도분석: 파이썬 scikit-learn 라이브러리의 CountVectorizer 도구 사용, 시각화분석: matplotlib & seaborn heatmap 도구 사용, 어두운 색일수록 단어의 빈도가 높음

기후재난(강수, 폭풍, 홍수, 산사태, 산불, 폭설)이나 꽃가루(pollen)에 대한 연구 및 정책의 효과성을 평가하는 연구는 부족한 것으로 나타났다(그림 3). 기후변화 요인별로는 폭염에 대한 연구가 87.5%로 압도적으로 많았으며 한파는 30.6%로 나타났다(보충 그림 2; available online). 기후변화 건강결과별 연구 현황으로는 총 사망(34.7%), 심혈관계사망(27.8%), 호흡기계사망(13.9%), 수인성식품매개 및 벡터매개감염발생(각 9.7%) 순으로 나타났다(보충 그림 3; available online). 효과변

경인자별로는 전체 연구 논문들 중 취약요인을 고려한 연구의 비율이 약 50%로 나타났고, 고령자를 고려한 연구가 37.5%로 취약요인 중 가장 많았으나, 소득, 직업, 교육 수준 등을 효과변경인자로 고려한 연구는 미미하였다(보충 그림 4; available online).

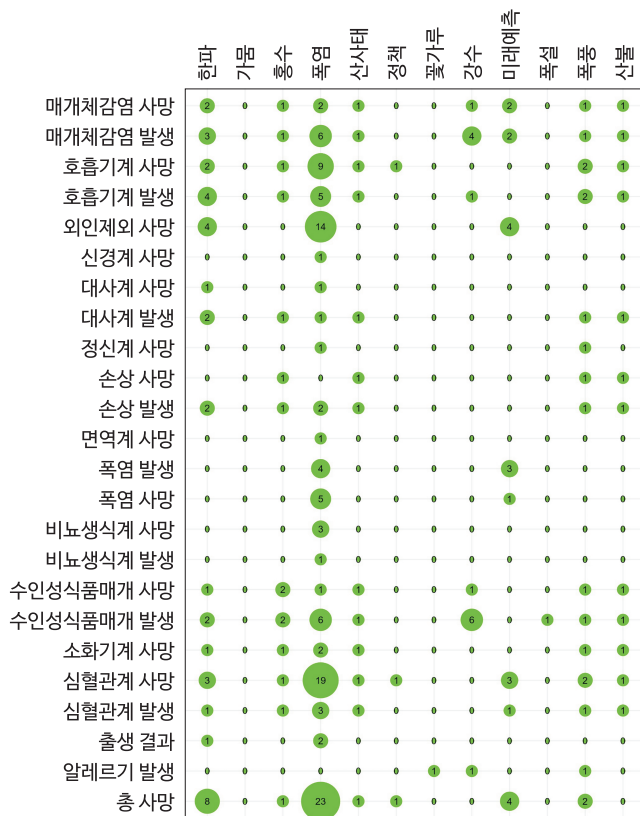


그림 3. 기후변화 요인별 건강 결과 연구 교차 분석(건수)

연구논문 건수는 원의 크기와 숫자로 표기

논 의

지구온난화는 산업화 이전 대비 약 1℃ 증가하였으며, 영국 기상청은 내년 기후변화 대응을 위해 전 세계가 설정한 지구 평균기온인 1.5℃를 넘어설 가능성이 있다고 전망했다. 시대별 글로벌 기후변화 트렌드를 살펴본 결과(보충 그림 5; available online), 지구온난화로 심각해지는 ‘폭염(heatwave)’은 실제 관측된 지구 표면온도의 상승 추세와 거의 일치하는 경향을 보였다. 온실가스 배출량 감축과 기후변화 적응 등 포괄적 대응을 위해 2015년 채택된 파리협약 시점 이후 ‘탄소중립(net zero)’과 ‘기후 적응(climate adaptation)’의 출현 빈도가 급격히 상승하였다. 그러나 최근 심화되고 있는 ‘기후재난(climate disaster)’의 출현 시기·빈도와 더불어 기후보건 관련 태그들은 상대적으로 미미한 결과에 주목할 만하다. 이는 폭염

에 따른 온열질환자 급증 등 전 지구적 기후 비상사태에 직면하였으며, 복합적이고 잠재적인 초위험 상황에 대비하여 기후보건 부문의 심층 조사·연구의 필요성과 시급성을 시사한다.

본 연구는 국내 기후보건 관련 연구 현황을 파악하기 위해 체계적인 문헌고찰을 수행하였으며, 현재까지 발간된 연구 결과를 분석·고찰하고, 아직 미진한 연구 수요를 파악하여 향후 제2차 기후보건영향평가의 신규 영역·지표를 발굴하고 증기 조사·연구 추진 과제를 도출하는 데 목적을 두었다. 문헌 검토 결과, 2006-2023년간 발표된 선행 연구 대부분은 주요 노출 및 결과 변수로 폭염과 총 사망에 대한 주제 연구로 나타났으며, 연도별로는 2011년 이전 대비 증가 추세를 보였고, 2018년에 가장 많은 연구논문이 발표되었다. 2018년은 국내 기상 관측 사상 최악의 폭염을 기록한 한 해로 전국 평균 폭염일수가 31일(지난 10년간 연 평균 폭염일수 14일)로 가장 많은 극심한 폭염이 있었으며, 질병관리청 온열질환 응급실감시체계에서 집계한 자료에 따르면, 가장 많은 온열질환 응급실방문자 수, 입원환자 수, 온열질환자 수 및 온열질환 사망자 수가 발생한 것으로 보고하였다[8]. 최근 학술지 뉴스에 보도된 전문가 의견에 따르면, 폭염에 따른 사망률을 정확하게 파악하기 위해서는 폭염으로 인한 초과 사망자 집계 방법과 더불어 기온 변동에 따른 포괄적인 측면에서 사망률 추이를 파악하는 접근 방법이 필요하다고 밝혔다[9]. 이에 기저질환자(심혈관질환 등), 운동성(운동선수, 노동자, 소방관 등)·비운동성(영유아, 임산부, 고령자 등) 민감취약집단, 지역적·지리적 취약성 및 일교차·열대야, 폭염 누적일수 등 다양한 연구 범위 확대와 대상자 특성을 고려한 심층 연구가 앞으로 더 활발하게 이루어져야 할 것이다.

미국 질병통제예방센터 홈페이지에 게시된 최근 기후보건 관련 논문 목록을 살펴보면, 주요 분야로 알레르기(꽃가루 등), 이상기상현상(고온 노출 등) 및 기후재난(산불 등) 연구 결과를 발표하였다. 영국 보건안보청의 경우 ‘2023-2024 악천후 및 건강계획’을 공식 발표하고 뇌우천식, 가뭄, 폭풍 연

구를 우선순위 과제에 포함하였다[4]. 한반도 기후변화 전망 보고서[10]에 따르면, 미래 이상기후지수(강수량/일, 온난일/야)의 변화폭 증가를 전망하였다. 국내 이상기상현상의 발생 빈도와 강도가 심화되고 있는 가운데 사회경제적 건강 불평등 및 불균형 악화가 우려된다. 따라서 향후 기후보건영향평가에 자연재해(태풍, 홍수, 산사태, 산불, 폭우 등) 및 관련 보건응급조사, 이상기후 건강영향 감시체계 연구, 미래 시나리오에 따른 건강결과 예측 및 정책효과평가 등 국내 지리적·지역적 및 사회인구학적 기후취약 특성을 고려한 연구 우선순위 기획 및 다각적인 연구추진 필요성을 시사한다.

질병관리청은 기후재난, 미래 시나리오 기반 예측 모델링, 기후 취약성 분석 등 국내 연구 수요를 중심으로 중기 연구 전략을 수립하고 단계적 연구 추진을 위한 세부 계획을 수립하고 있다. 이러한 결과를 바탕으로 제2차 기후보건영향평가에 반영하여 기후보건 정책 수립에 필요한 근거 자료를 제공하고, 기후위기로부터 국민들의 건강 피해 최소화과 기후 탄력성 및 회복력 제고에 기여할 것을 기대한다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: JYH, JHC, HJK, YJA. Data curation and Methodology: JYH, JHC. Visualization: JYH. Writing – original draft: JYH. Writing – review & editing: HJK, YJA.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

1. World Health Organization. Fourteenth General Programme of Work, 2025–2028 [Internet]. World Health Organization; 2020 [updated 2020 Jul 17; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.who.int/about/general-programme-of-work/fourteenth>
2. UK Climate Risk. Findings from the third UK Climate Change Risk Assessment (CCRA3) Evidence Report 2021 [Internet]. UK Climate Risk; 2021 [updated 2021 Jun 2; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.ukclimaterisk.org/wp-content/uploads/2021/06/CCRA3-Briefing-Cultural-Heritage.pdf>
3. UK Health Security Agency. Health Effects of Climate Change (HECC) in the UK: State of the evidence 2023 [Internet]. UK Health Security Agency; 2024 [updated 2024 Jan 11; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://assets.publishing.service.gov.uk/media/659ff6a93308d200131fbe78/HECC-report-2023-overview.pdf>
4. UK Health Security Agency. Adverse weather and health plan equity review and impact assessment 2024 [Internet]. UK Health Security Agency; 2024 [updated 2024 Mar 21; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.gov.uk/government/publications/adverse-weather-health-plan-equity-review-and-impact-assessment/adverse-weather-and-health-plan-equity-review-and-impact-assessment-2024>
5. Centers for Disease Control and Prevention. CDC Announces Important Advances in Protecting Americans from Heat 2024 [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2024 [updated 2024 Apr 22; cited 2024 Sep 20]. Available from: https://www.cdc.gov/media/releases/2024/p0422-heat-protection.html?utm_source=www.newtampawesleychapellocalpulse.com&utm_medium=referral&utm_campaign=issue-103-cuban-immigration-peaks-isaac-s-gourmet-burgers-heat-safety-tools-lightning-s-playoff-push
6. Crimmins AR, Avery CW, Easterling DR, Kunkel KE, Stewart BC, Maycock TK. Fifth National Climate Assessment [Internet]. National Oceanic and Atmospheric Ad-

- ministration; 2023 [cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://doi.org/10.25923/hq9a-hg76>
7. Romanello M, Napoli CD, Green C, Kennard H, Lampard P, Scamman D, et al. The 2023 report of the Lancet Countdown on health and climate change: the imperative for a health-centred response in a world facing irreversible harms. *Lancet* 2023;402:2346-94.
8. Kim H, Park S, Lee Y, Kim JH, Kim Y, Kwon H. The first national climate health impact assessment in the Republic of Korea: key findings and scientific issues. *Public Health Wkly Rep* 2022;15:1463-75.
9. La V. Hot days or heat waves? Researchers debate how to count deaths from heat [Internet]. *Science*; 2024 [updated 2024 Aug 23; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.science.org/content/article/hot-days-or-heat-waves-researchers-debate-how-count-deaths-heat>
10. Kim DH, Kim YH, Kim JW, Kim TJ, Moon HJ, Byun YH, et al. National Institute of Meteorological Sciences. Report on projection of climate change over Korean peninsula 2020. Seogwipo: National Institute of Meteorological Sciences; 2020 Dec. 11-1360620-000199-14.

Trends and Gaps in Climate Change and Health Research in the Republic of Korea

Joo-Yeon Hwang¹ , Jonghyuk Choi² , Ho-Jang Kwon² , Younjhin Ahn^{1*} 

¹Division of Climate Change and Health Hazard, Department of Health Hazard Response, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea, ²Department of Preventive Medicine, College of Medicine, Dankook University, Cheonan, Korea

ABSTRACT

This study presents a comprehensive review of published literature on climate and health research to assess current trends, gaps, demands, and priorities. A review of existing studies in the Republic of Korea reveals a notable lack of research on the physical and mental health effects, both direct and indirect, of extreme weather events and climate-related disasters such as localized torrential rain, floods, typhoons, landslides, and wildfires. Furthermore, there is limited research on climate vulnerability (including vulnerable groups and regions), climate health adaptation, and the evaluation of policy effectiveness. The need for modeling studies to predict future outcomes and prevent potential harm was also highlighted. To enhance a climate-resilient health system, we propose the development of sustainable strategic plans, including the identification of new indicators and the expansion of assessment areas. These findings will be actively utilized in public communication efforts, particularly in the context of the second climate health assessment.

Key words: Climate change; Research trend; Health effect; Public health policy

*Corresponding author: Younjhin Ahn, Tel: +82-43-219-2950, E-mail: carotene@korea.kr

Introduction

The extensive direct and indirect impacts of climate change are intensifying global public health threats, including health system vulnerabilities and worsening health inequalities. The World Health Organization has identified climate change and health as a priority strategic goal and published a global plan for strengthening climate-resilient health systems and promoting low-carbon healthy societies (General Programme of Work, 2025–2028) [1]. The Sixth Assessment Report of the United Nations Intergovernmental Panel on Climate Change

addresses a multitude of issues, including food and water security, economic impacts, livelihoods, and hunger. It also identifies heatwaves and vector-borne diseases as significant risks associated with climate change. Furthermore, it presents a comprehensive list of climate impacts and disaster risks that are expected to increase and decrease in East Asia.

A multitude of countries across the globe are employing a plethora of strategic methodologies to mitigate the adverse effects of climate change on health. The United Kingdom (UK) has established and implemented climate change impact assessment and adaptation policies based on the Climate Change

Key messages

① What is known previously?

In response to the increasing frequency and intensity of extreme weather events worldwide, including heatwaves and the illnesses they cause, major countries (United Kingdom, United States of America, and Japan) are undertaking investigations, studies, and assessments of climate impact on the relationship between climate change and health.

② What new information is presented?

A review of climate and health research in the Republic of Korea (ROK) revealed a preponderance of studies examining the impact of heat exposure on total mortality. However, there is a dearth of research investigating the vulnerability of specific groups and regions to climate-related disasters, such as torrential rains, floods, typhoons, landslides, and wildfires.

③ What are implications?

This study is significant in that it identifies and organizes the overall research needs and priorities based on a survey on the status of climate and health research in the ROK. Continued research and multifaceted in-depth analyses will be required to identify indicators for the second national assessment of the impact of climate on health and strengthen their utilization.

Act (2008), including the Climate Change Risk Assessment, National Adaptation Program, and Adaptation Reporting Program [2]. The UK Health Security Agency (established in April 2021) publishes the Health Effects of Climate Change report, which facilitates comprehension and informs decision-making regarding the impact of climate change on health. The fourth edition of the report, published in 2013, comprises 15 chapters, each independently developed and written by approximately 90 experts, with a focus on climate health [3]. The agency also released the Adverse Weather and Health Plan to

build community resilience and protect health from adverse weather [4]. The United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC), in collaboration with the National Oceanic and Atmospheric Administration and the National Weather Service, announced a new Heat & Health Initiative to protect the public from the risks of heat exposure, including nationwide HeatRisk Forecast, HeatRisk Dashboard, and Clinical Guidance services [5]. The National Climate Assessment report is published every 4 years under the “Global Change Research Act (enacted in 1990),” and the fifth report revealed that the frequency and magnitude of disasters caused by climate change, including extreme weather events, are increasing compared with those in the past 80 years [6]. The 2023 Lancet Countdown Report on health and climate change revealed that the average annual number of individuals aged 65 years or older who died from heatstroke in the previous decade (2013–2022) showed an 85% increase compared with the preceding decade (1991–2000). This finding underscores the necessity for health-centric climate action and response strategies [7].

This study aims to obtain the requisite research evidence to evaluate the impact of climate change on human health and to ascertain the current research status, needs, and priorities by conducting a systematic review of the literature on climate and health in the Republic of Korea (ROK). For the implementation of the second assessment in 2026, detailed scientific investigation and research, including the discovery of new indicators and expansion of assessment areas, and mid- to long-term directions will be considered, with the aim of developing the health impact sector. The results of the second assessment will be actively used for public communication.

Methods

The current state of research in the ROK was identified using PubMed, the most used international database of academic articles in the field of healthcare, based on the literature search formula. The screened articles were reviewed and included in the literature list manually if they included epidemiologic studies on climate change-related health effects in the ROK. Literature information was collected through manual searches for relevance to the research topic. The search keywords were divided into six categories to examine published literature: Korea, climate change, climate change related terms, temperature, climate disasters, and other related terms. To ensure the inclusion of only studies conducted in the ROK, the search was

limited to literature that included the terms “Korea,” “South Korea,” and “Republic of Korea.” Search keywords and formulas were finalized through a review by the investigators and expert consultation (Table 1).

A total of 210 research articles were identified, including 203 articles identified using PubMed and seven articles that were hand-searched based on titles, abstracts, and key terms. The criteria for study inclusion were as follows: epidemiologic studies of climate change-related health effects in the ROK (including multi-country/multi-city studies) and publication in peer-reviewed journals in English. The exclusion criteria included the unavailability of the full text, no direct relation to climate change, and no direct relation to health epidemiology (animal, plant, vector, ecosystem, exposure assessment,

Table 1. Terms used to literature mining on climate change and health in the Republic of Korea

Category	Search terms
Korea	((Korea[Title/Abstract]) OR (South Korea[Title/Abstract]) OR (Republic of Korea[Title/Abstract]))
Operator	AND
Climate change	(climate change*[Title/Abstract])
Operator	AND
Climate change related terms	((warming[Title/Abstract]) OR (global warming[Title/Abstract]) OR (greenhouse gases[Title/Abstract]) OR (greenhouse effect*[Title/Abstract]) OR (climate extreme*[Title/Abstract]) OR (weather extreme*[Title/Abstract]) OR (extreme event*[Title/Abstract]))
Operator	OR
Temperature	(temperature*[Title/Abstract]) OR (temperature change*[Title/Abstract]) OR (extreme temperature*[Title/Abstract]) OR (atmospheric temperature*[Title/Abstract]) OR (air temperature*[Title/Abstract]) OR (hot extreme*[Title/Abstract]) OR (heat*[Title/Abstract]) OR (heat wave*[Title/Abstract]) OR (heatwave*[Title/Abstract]) OR (high temperature*[Title/Abstract]) OR (high air temperature*[Title/Abstract]) OR (cold*[Title/Abstract]) OR (cold spell*[Title/Abstract]) OR (low temperature*[Title/Abstract]) OR (low air temperature*[Title/Abstract])
Operator	OR
Climate disaster	(precipitation*[Title/Abstract]) OR (wildfire*[Title/Abstract]) OR (Flood*[Title/Abstract]) OR (flooding[Title/Abstract]) OR (storm*[Title/Abstract]) OR (drought*[Title/Abstract]) OR (sea level*[Title/Abstract]) OR (tropical cyclone*[Title/Abstract])
Operator	OR
Other related terms	(Infectious disease*[Title/Abstract]) OR (malnutrition*[Title/Abstract]) OR (Mental health[Title/Abstract]) OR (Displacement*[Title/Abstract]) OR (crop production*[Title/Abstract]) OR (food production*[Title/Abstract]) OR (water availability[Title/Abstract]) OR (ecosystems[Title/Abstract]) OR (species loss*[Title/Abstract]))

*Truncation.

economic, water requirements, food production, energy consumption, and other related topics). Accordingly, 72 studies were eventually included after excluding 138 (Figure 1).

Results

A review of the literature on climate health in the ROK revealed a total of 72 studies conducted over an 18-year period (2006–2023). By year, 2018 had the highest number of publications with 11 studies (Supplementary Figure 1; available online). To identify trends in research topics by year, a total of 72 studies were tagged with keywords to identify high-frequency words (top 10) and changes in the frequency of appearance by year. In 2014, the co-occurrence of words related to climate health was generally high, and since 2018, the words “heat wave,” “temperature,” and “mortality” have increased in frequency. The years with the highest number of publications, 2022, 2018, and 2014, had proportionally higher frequencies of climate change and health topic words, and the most frequently used word in 2020 was “temperature” (Figure 2). The analysis of the cross-section of health outcome studies by

climate change factor revealed that the highest number of studies were on total mortality from heatwaves and a wide range of health outcomes associated with heatwaves have been published. Nevertheless, there is a paucity of studies assessing the efficacy of research and policies pertaining to climate-related hazards, including precipitation, storms, floods, landslides, wildfires, and heavy snowfall, as well as pollen (Figure 3). With regard to climate change factors, the studies overwhelmingly focused on heatwaves (87.5%), followed by cold waves (30.6%) (Supplementary Figure 2; available online). Regarding the health outcomes associated with climate change, the most frequently reported findings were total mortality (34.7%); cardiovascular mortality (27.8%); respiratory mortality (13.9%); and water-, food-, and vector-borne infections (9.7% each) (Supplementary Figure 3; available online). With regard to effect modifiers, approximately 50% of the studies considered vulnerability factors, with the elderly representing the most common vulnerability factor (37.5%). However, few studies have explored the potential influence of income, occupation, and education as effect modifiers (Supplementary Figure 4; available online).

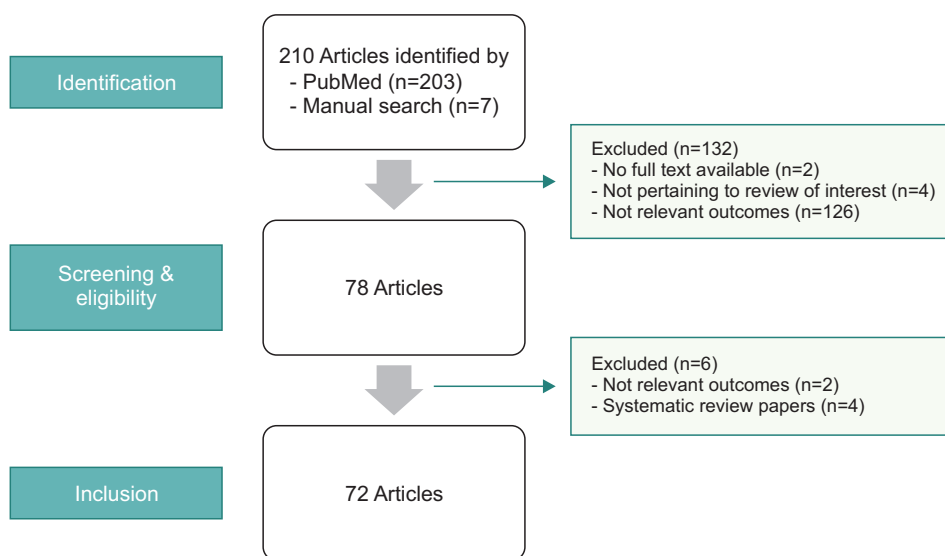


Figure 1. Flow diagram for literature search and study selection

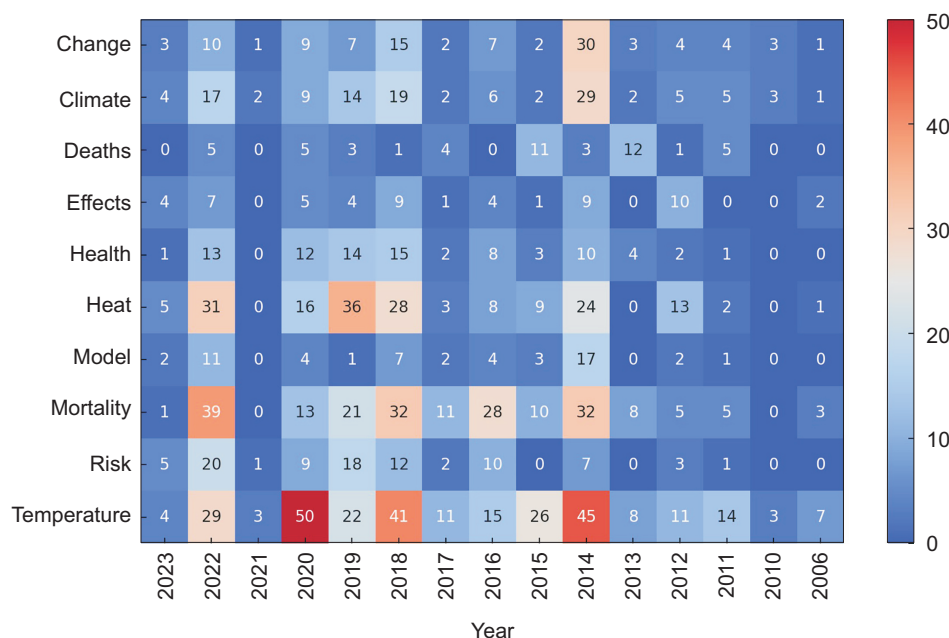


Figure 2. Frequency of key words by year in climate change and health research

Heatmap means key term frequencies by year. Data analysis: Python scikit-learn library, CountVectorizer tool and visualization: matplotlib & seaborn heatmap, darker colors mean higher word occurrences.

Discussion

The average global temperature has increased by approximately 1°C since pre-industrial times, and the UK Met Office has forecast that the global average temperature increase target of 1.5°C set by the international community to combat climate change may be exceeded next year. A review of global climate change trends over time (Supplementary Figure 5; available online) revealed a correlation between the number of “heat-waves” that became more severe with global warming and the observed increase in the global surface temperature. Since the Paris Agreement, which was adopted in 2015 with the objective of addressing reduction in greenhouse gas emissions and climate change adaptation in a comprehensive manner, the frequency of references to “net zero” and “climate adaptation” has increased markedly. Notably, tags related to climate and health are underrepresented, particularly given the timing and frequency of references to “climate disasters,” which have increased in recent years. This indicates the necessity and urgency for a comprehensive investigation and research in the

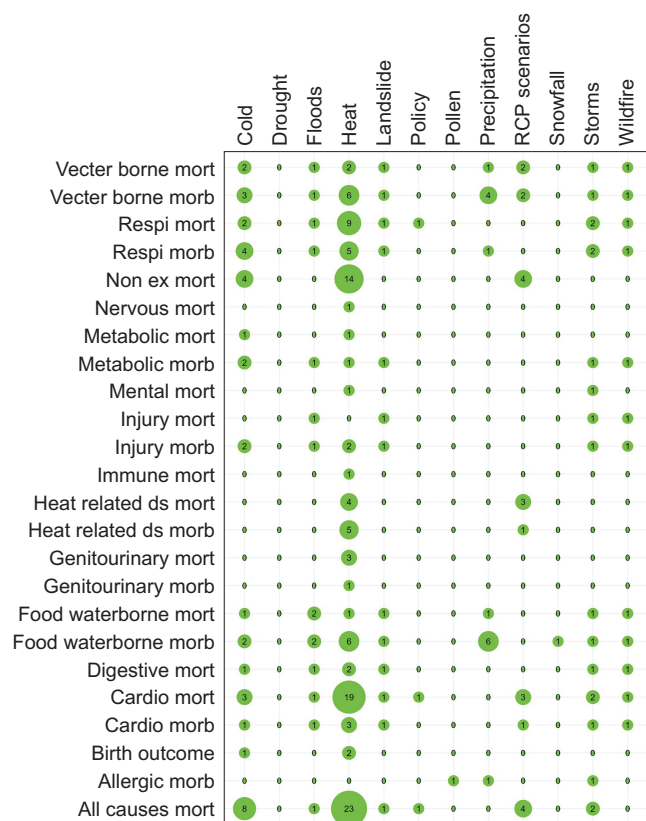


Figure 3. Cross-plot of health outcome co-occurrence with climatic hazards

Number of research papers indicated by size and number in the Republic of Korea.

climate health sector in the context of a global climate emergency, including a surge in heat-related illnesses, to prepare for a complex and potentially super-hazardous situation.

This study included a systematic literature review for determining the current status of climate health-related research in the ROK. To this end, the results of studies published to date were analyzed and reviewed, as well as unmet research needs, new areas and indicators for the second climate health impact assessment, and mid-term research and research promotion tasks. The literature review revealed that the majority of studies published between 2006 and 2023 concentrated on heatwaves and total mortality as the primary exposure and outcome variables, respectively. Furthermore, there was an increasing trend by year with regard to the number of studies published compared with 2011, with the highest number of studies published in 2018. The year 2018 was marked by one of the most severe heat waves in the ROK's meteorological history, with an average of 31 days of extreme heat across the country (in comparison to the average of 14 days per year over the past decade). As indicated by data obtained from the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)'s emergency department surveillance system for heat-related illness, the highest number of emergency department visits, hospitalizations, heat-related illnesses, and heat-related deaths were reported during this period [8]. A recent expert opinion stated that an accurate picture of mortality from heatwaves required an approach that considered mortality trends in the broader context of temperature fluctuations, in addition to methods for counting excess deaths from heatwaves [9]. Therefore, more in-depth research will be required to expand the scope of the study and consider various groups, such as people with underlying medical conditions (e.g., cardiovascular disease), high-activity groups (e.g.,

athletes, laborers, and firefighters), and low-activity vulnerable groups (e.g., infants, pregnant women, and the elderly), as well as regional and geographical vulnerabilities, daily temperature differences, tropical nights, and cumulative heatwave days.

A list of recent climate health publications on the CDC website shows that the main areas of research include allergies (e.g., pollen), extreme weather events (e.g., exposure to high temperatures), and climate disasters (e.g., wildfires). The UK Health Protection Agency has officially published its "2023–2024 Adverse Weather and Health Plan" and has included thunderstorm, drought, and storm research among its priorities [4]. As indicated in the Report on Climate Change on the Korean Peninsula [10], the projected future change in extreme weather indices (precipitation/day, warm days/night) is anticipated to increase. The frequency and intensity of extreme weather events in the country are increasing, leading to worsening socioeconomic health inequalities. Therefore, there is a need to plan research priorities and promote multi-faceted research in future climate health impact assessments considering the geographical, regional, and sociodemographic climate vulnerability characteristics of the ROK, such as natural disasters (typhoons, floods, landslides, forest fires, and heavy rains) and the health emergency surveys associated with them, research on surveillance systems for the health impact of extreme weather, prediction of health outcomes under future scenarios, and evaluation of policy effects.

The KDCA has established a mid-term research strategy centered on domestic research needs such as climate disasters, future scenario-based predictive modeling, and climate vulnerability analysis, with detailed plans for phased research implementation. The findings will be integrated into the second climate health impact assessment to provide evidence for

the formulation of climate and health policy, with the objective of minimizing the health impacts of the climate crisis and enhancing climate resilience and recovery.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: JYH, JHC, HJK, YJA. Data curation and Methodology: JYH, JHC. Visualization: JYH. Writing – original draft: JYH. Writing – review & editing: HJK, YJA.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

1. World Health Organization. Fourteenth General Programme of Work, 2025–2028 [Internet]. World Health Organization; 2020 [updated 2020 Jul 17; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.who.int/about/general-programme-of-work/fourteenth>
2. UK Climate Risk. Findings from the third UK Climate Change Risk Assessment (CCRA3) Evidence Report 2021 [Internet]. UK Climate Risk; 2021 [updated 2021 Jun 2; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.uk-climaterisk.org/wp-content/uploads/2021/06/CCRA3-Briefing-Cultural-Heritage.pdf>
3. UK Health Security Agency. Health Effects of Climate Change (HECC) in the UK: State of the evidence 2023 [Internet]. UK Health Security Agency; 2024 [updated 2024 Jan 11; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://assets.publishing.service.gov.uk/media/659ff6a93308d200131fbe78/HECC-report-2023-overview.pdf>
4. UK Health Security Agency. Adverse weather and health plan equity review and impact assessment 2024 [Internet]. UK Health Security Agency; 2024 [updated 2024 Mar 21; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.gov.uk/government/publications/adverse-weather-health-plan-equity-review-and-impact-assessment/adverse-weather-and-health-plan-equity-review-and-impact-assessment-2024>
5. Centers for Disease Control and Prevention. CDC Announces Important Advances in Protecting Americans from Heat 2024 [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2024 [updated 2024 Apr 22; cited 2024 Sep 20]. Available from: https://www.cdc.gov/media/releases/2024/p0422-heat-protection.html?utm_source=www.newtampawesleychapelloocalpulse.com&utm_medium=referral&utm_campaign=issue-103-cuban-immigration-peaks-isaac-s-gourmet-burgers-heat-safety-tools-lightning-s-playoff-push
6. Crimmins AR, Avery CW, Easterling DR, Kunkel KE, Stewart BC, Maycock TK. Fifth National Climate Assessment [Internet]. National Oceanic and Atmospheric Administration; 2023 [cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://doi.org/10.25923/hq9a-hg76>
7. Romanello M, Napoli CD, Green C, Kennard H, Lampard P, Scamman D, et al. The 2023 report of the Lancet Countdown on health and climate change: the imperative for a health-centred response in a world facing irreversible harms. *Lancet* 2023;402:2346–94.
8. Kim H, Park S, Lee Y, Kim JH, Kim Y, Kwon H. The first national climate health impact assessment in the Republic of Korea: key findings and scientific issues. *Public Health Wkly Rep* 2022;15:1463–75.
9. La V. Hot days or heat waves? Researchers debate how to count deaths from heat [Internet]. *Science*; 2024 [updated 2024 Aug 23; cited 2024 Sep 20]. Available from: <https://www.science.org/content/article/hot-days-or-heat-waves-researchers-debate-how-count-deaths-heat>
10. Kim DH, Kim YH, Kim JW, Kim TJ, Moon HJ, Byun YH, et al. National Institute of Meteorological Sciences. Report on projection of climate change over Korean peninsula 2020. Seogwipo: National Institute of Meteorological Sciences; 2020 Dec. 11-1360620-000199-14.

2019–2022년 국내 수인성·식품매개감염병 원인세균 병원체 감시현황

홍문의^{ID}, 신은경^{ID}, 김준영^{ID}, 유재일*^{ID}

질병관리청 진단분석국 세균분석과

초 록

본 연구는 2019년부터 2022년까지 수집된 수인성·식품매개감염병 원인 세균 병원체를 분석하여 국내 급성설사 질환의 유행 양상을 파악하고, 이를 바탕으로 감염병 대응 전략 수립을 위한 기초자료를 제공하고자 하였다. 4년간 급성설사 환자 41,227명의 대변 검체에서 6,974주(16.9%)의 세균성 병원체가 분리되었다. 주요 병원체는 *Salmonella* spp. 1,272건(18.2%), Pathogenic *Escherichia coli* 1,934건(27.7%), *Campylobacter* spp. 732건(10.5%)이었다. 연도별 분석 결과, 2020년과 2021년에는 *Salmonella* spp.와 Pathogenic *E. coli*의 분리율이 높았고, 2022년에는 *Campylobacter* spp.의 분리율이 증가하였다. 월별 분석에서는 6월에서 8월까지 분리율이 높았고, 8월에 평균 26.0%로 가장 높았다. 연령별로는 0–9세(37.0%)와 60세 이상(33.2%) 연령대에서 가장 높은 분리율을 보였으며, 성별로는 남성(53.8%)이 여성(46.2%)보다 높았다. 이 분석 결과는 수인성·식품매개감염병의 유행 양상과 위험 요인을 이해하는 데 기여하며, 효과적인 예방 및 대응 전략 수립을 위한 중요한 기초자료로 활용될 것이다.

주요 검색어: 엔터넷; 감시; 급성설사질환; 설사원인세균

서 론

감염병 감시(surveillance)는 주로 감염병 환자와 접촉한 사람들을 추적하여, 신속한 진단과 격리를 통해 질병의 확산을 방지하는 것을 목적으로 한다. 1960년대 후반, 세계보건기구(World Health Organization)는 이 개념을 ‘역학적 감시’로 확장하여, 단순 추적을 넘어 더 책임감 있는 조치를 포함하도록 하였다. 1990년대 후반, 미국 질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention)는 ‘감염병 감시’를 공중보건

사업에서 계획수립, 실행, 평가를 위한 자료 분석과 정보 공유 등을 포함하는 개념으로 정의하였다.

이러한 감시 개념의 발전은 수인성·식품매개감염병의 관리에도 적용되고 있다. 수인성·식품매개감염병은 세균, 바이러스 등 감염성 병원체에 의해 설사, 구토, 발열, 복통 등의 증상을 일으키는 질병으로, 매년 전 세계적으로 지속적인 발생을 보이며 주요한 공중보건 문제로 인식되고 있다[1]. 특히, 외식 산업 발달과 단체 급식의 증가로 인해 발생 위험이 증가하고 있으며, 이로 인해 다수의 사람들이 동시에 감염될 수 있

Received September 11, 2024 Revised October 15, 2024 Accepted October 16, 2024

*Corresponding author: 유재일, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



KDCA
Korea Disease Control and Prevention Agency

핵심요약**① 이전에 알려진 내용은?**

수인성·식품매개감염병은 주로 여름철에 발생하고 어린이와 노인과 같은 취약계층에서 높은 발병률을 보이며 주요 병원체로는 *Salmonella* spp., *Pathogenic Escherichia coli*, *Campylobacter* spp. 등이 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

Salmonella spp.는 최근 분리증가추세에 있는 것으로 나타났고, 2022년도에 *Staphylococcus aureus*, *Clostridium perfringens*와 같은 그람양성균의 분리가 증가하는 것으로 확인되었다.

③ 시사점은?

기온 및 환경변화에 따른 식품 및 개인위생 관리가 중요하며, 또한, 원인병원체 유행변화에 대비하여 새로운 위생 관리와 예방 조치의 필요성을 시사한다.

는 위험을 내포하고 있다. 이러한 감염병은 환자의 치료 및 입원 격리에 따른 사회경제적 손실을 초래해 더 큰 문제가 되고 있다.

이 같은 공중 보건적 중요성 때문에 수인성·식품매개감염병에 대한 병원체 감시는 다른 질환보다 우선적으로 수행되고 있다. 미국에서는 푸드넷(FoodNet) [2], 캐나다에서는 캐나다 엔터넷(C-EnterNet) [3], 일본에서는 국립감염병연구소(National Institute of Infectious Diseases)가 주도하여 병원체 검출 정보를 생산하고 있으며[4], 이를 통해 감염병 확산을 조기에 발견하고 예방하기 위해 노력하고 있다.

국내에서는 1972년부터 질병관리청 주관으로 전국 보건소와 시·도 보건환경연구원, 질병관리본부 실험실을 연계한 수인성·식품매개감염병의 원인 병원체에 대한 검사 업무를 수행해왔다. 2001년부터는 능동적인 병원체 감시시스템을 구축하였으며, 2003년부터 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enteric Pathogens Active Surveillance Network, Enter-Net)을 운영하고 있다. 2008년 이후 대상 병원체의 확

대, 보고 주기 단축, 결과 환류 및 관련 정보 제공 주기 단축 등 다양한 방면으로 감시사업을 개선하였고 2010년부터는 주 단위 보고 체계를 통해 유관기관에 국내 설사 질환 발생 경향에 대한 정보를 주기적으로 제공하고 있다. 2012년부터는 기존 감시대상 병원체에 그람양성 세균 4종 및 그람음성 세균 1종을 추가하여 총 10종의 병원체에 대한 감시망을 운영하고 있다.

현재 이 감시사업은 전국 70여 개 감시사업 참여 협력병원에서 설사 환자의 검체와 임상자료를 수집하고, 18개 시·도 보건환경연구원에서 원인 병원체에 대한 검사를 실시한다. 이후 질병관리청 진단분석국 세균분석과는 이 결과를 종합 분석하여 급성설사 질환의 발생 양상 및 병원체 정보를 제공한다.

최근에는 기후변화가 수인성·식품매개감염병의 발생 및 확산에 미치는 영향이 주목받고 있다. 기후변화로 인한 기온 상승, 수온 변화, 강수량 변화, 자연재해 증가는 병원체의 생존 및 전파 환경을 변화시켜 감염병 발생의 가능성을 높이고 있다[5]. 이에 따라 기후변화와 수인성·식품매개감염병 간의 상관관계를 분석하는 것이 매우 중요하며, 이러한 분석을 뒷받침하기 위해 신뢰할 수 있는 병원체 감시 정보의 중요성도 커지고 있다.

본 연구에서는 2019년부터 2022년까지 최근 4년간 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업을 통해 확인된 급성설사 원인 세균의 분리 현황 및 특성을 분석하고자 한다.

방 법**1. 검체 수집**

본 연구는 2019년부터 2022년까지 4년간 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업을 통해 전국 협력병원의 급성설사 질환 환자로부터 수집된 분변 검체를 대상으로 하였다. 검체는 전국 77개 협력병원에서 수집되었으며, 냉장(14℃) 상태

에서 18개 시·도 보건환경연구원과 질병관리청으로 송부되었다.

2. 병원체 분리 및 동정

주요 세균성 병원체의 분리 및 동정을 위해 미생물 배양, 생화학적 검사, 유전자 검출 검사 등의 방법을 사용하였다. 병원체 분리 대상은 살모넬라균(*Salmonella* spp.), 병원성 대장균(Pathogenic *Escherichia coli*) 중 장출혈성 대장균(Enterohemorrhagic *E. coli*; EHEC), 장독소성 대장균(Enterotoxigenic *E. coli*; ETEC), 장병원성 대장균(Enteropathogenic *E. coli*; EPEC), 장침습성 대장균(Enteroinvasive *E. coli*; EIEC), 캄필로박터균(*Campylobacter* spp.), 장염비브리오균(*Vibrio parahaemolyticus*), 세균성이질균(*Shigella* spp.), 클로스트리듐 퍼프린젠스(*Clostridium perfringens*), 황색포도알균(*Staphylococcus aureus*), 바실루스 세레우스(*Bacillus cereus*), 리스테리아 모노사이토제네스(*Listeria monocytogenes*), 예르시니아 엔테로콜리티카(*Yersinia enterocolitica*)이다.

각 병원체는 증균배양 후 해당 병원체에 대한 선택 배지를 사용해 배양하였고, 분리된 균주는 생화학적 검사 및 독소 유

전자와 병원체 특이 유전자 검출을 통해 최종 확인되었다.

결 과

최근 4년간(2019~2022년) 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업을 통해 전국적으로 총 41,227건의 설사 환자에서 수집된 분변 검체를 검사한 결과, 감시 대상 병원체가 확인된 검체는 6,974건으로 전체 검체의 16.9%를 차지하였다. 확인된 병원체는 *Salmonella* spp. 1,272건(18.2%), Pathogenic *E. coli* 1,934건(27.7%)으로 분류되었으며, Pathogenic *E. coli* 중 EPEC가 1,647건(85.2%), ETEC가 178건(9.2%), EHEC가 103건(5.3%), EIEC가 6건(0.3%)을 차지하였다. 또한 *V. parahaemolyticus* 14건(0.2%), *Shigella* spp. 5건(0.1%), *Campylobacter* spp. 732건(10.5%), *C. perfringens* 975건(14.0%), *S. aureus* 1,163건(16.7%), *B. cereus* 803건(11.5%), *L. monocytogenes* 11건(0.2%), *Y. enterocolitica* 65건(0.9%)이 분리되었다(그림 1).

연간 병원체 분리현황은 Pathogenic *E. coli*는 2019년부터 2021년까지 감소 추세이다가 2021년 400건에서 2022년 571건으로 대폭 증가하였고, *Salmonella* spp.는 2020년 259

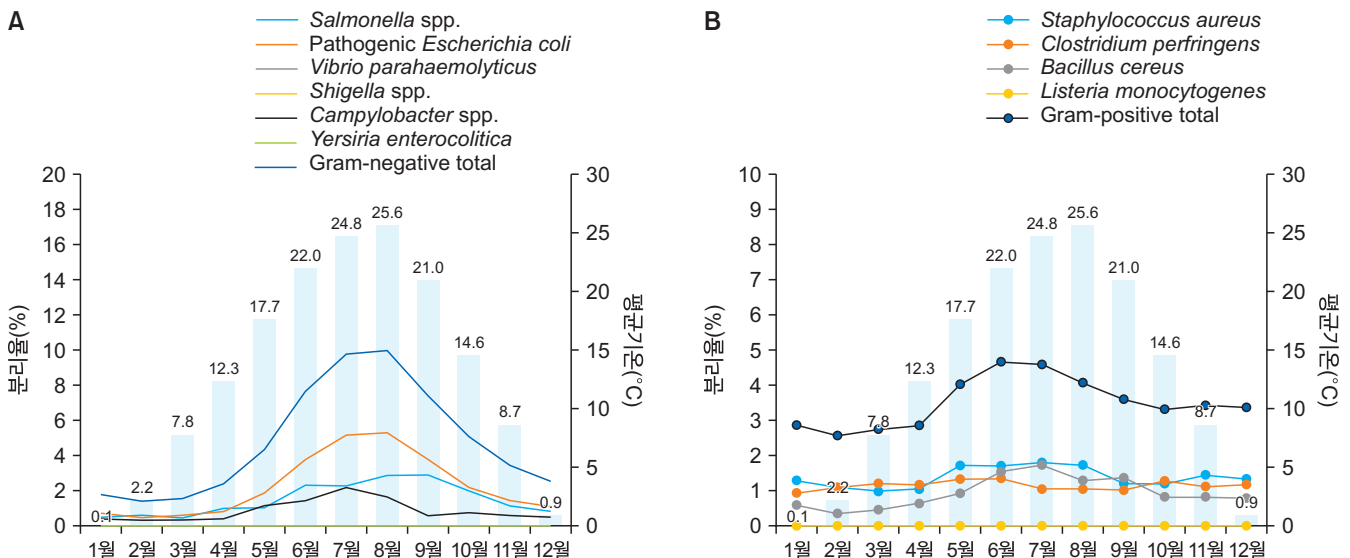


그림 1. 수인성·식품매개감염병 원인 세균 월별 분리율
(A) 그람음성균 분리율, (B) 그람양성균 분리율

건에서 2022년 409건으로 3년간 증가하였다. *S. aureus*, *B. cereus*, *C. perfringens*도 2022년도에 분리 증가 추세를 보였다. *Campylobacter* spp.는 2021년도까지 증가 추세였으나 2022년도와는 전년과 유사하였다. *Y. enterocolitica*의 경우, 2020년에는 23건이 분리되었고, 2021년에는 15건으로 감소하였으나 2022년에는 18건으로 다시 증가하였다. *V. parahaemolyticus*는 2020년 2건 2021년에 1건 분리되었으며, 2022년에는 4건으로 증가하였다. *Shigella* spp.는 2020년과 2021년에 각각 2건씩 분리되었으나 2022년에는 분리되지 않았다. *L. monocytogenes*는 2020년에 4건이 분리되었으며, 2021년과 2022년에는 각각 3건씩 분리되었다(그림 2).

월별 병원성 세균 분리율을 분석한 결과, 최근 4년간 세균성 병원체의 연 평균 분리율은 15.2%에서 18.6% 사이를 기록하였다. 월 평균 기온과 함께 비교한 결과, 기온이 20°C 이상인 6월부터 9월까지 분리율이 높은 경향을 보였으며 특히, 그람음성균의 평균분리율은 7, 8월에 그람양성균 분리율은 6월에 가장 높았다. 주요 세균성 병원체 중 하나인 *Salmonella*

spp.와 Pathogenic *E. coli*, *Campylobacter* spp.는 5월부터 10월까지 지속적으로 분리되는 경향을 보였다. 그람양성세균인 *S. aureus*는 5월부터 분리가 소폭 증가하여 8월 이후 감소하는 추세를 보이고 *C. perfringens*는 계절과 관계없이 연중 분리되었고, *B. cereus*는 6, 7월에 분리율이 증가하였다(그림 1).

연령별 및 성별 병원성 세균 분리율을 분석한 결과, 0-9세의 연령대(37.0%)와 60대 이상의 연령대(33.2%)에서 높은 비율을 차지하였다. 최근 4년간 연령별 발생 추이를 보면, *Salmonella* spp.는 10세 미만과 10대 연령대에서 지속적으로 높은 분리율을 보였고, Pathogenic *E. coli*는 전 연령대에서 분리되었으며, 특히 5세 미만의 연령대에서 분리율이 상대적으로 높았다. *Campylobacter* spp.는 주로 20대 연령층에서 분리되는 경향을 보였으며, 그람양성 세균인 *C. perfringens*는 연령이 증가할수록 높은 분리율을 나타냈다. *B. cereus*는 50대와 60대 연령대에서 주로 분리되는 경향을 보였다. 분석 결과, 연령군에 따른 병원성 세균의 검출에는 유의한 차이가 있었으며($p < 0.05$), 성별로는 남성(53.8%)이 여성(46.2%)보다

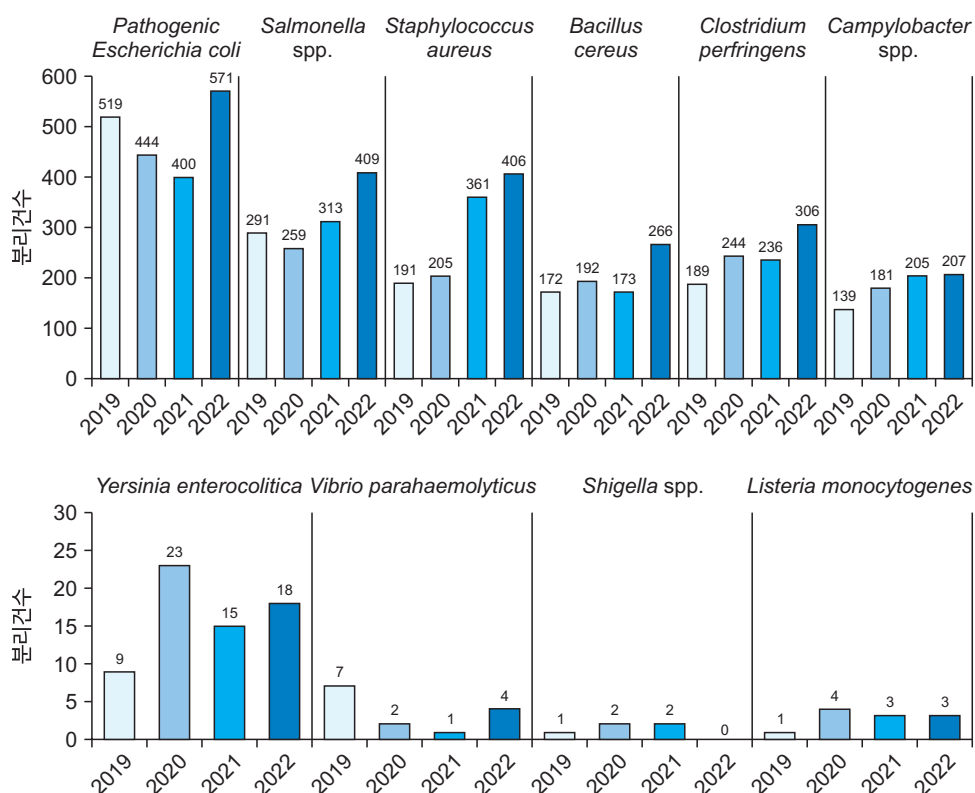


그림 2. 수인성·식품매개감염병 원인 세균 연도별 분리 현황(2019-2022년)

분리율이 높았고, 성별 간 통계적으로 유의한 차이를 보였다 ($p<0.05$) (표 1, 그림 3).

결론

본 연구에서는 2019년부터 2022년까지 4년간 수집된 수인성·식품매개감염병 감시사업을 통해 확인된 급성설사 환자에서 수집한 41,227건에서 분리된 세균 병원체 6,974건의 현황을 분석하였다. 주요 병원체인 *Salmonella* spp.와 Pathogenic *E. coli*, *Campylobacter* spp.는 대표적인 식중독 원인 세균으로 기온이 상승하는 5월부터 10월까지 높은 분리율을 보였다. 이는 기후변화로 인한 기온 상승 등의 환경 요인 변화가 수인성·식품매개감염병의 주요 병원체의 유행에 중요한 변수로 영향을 미칠 수 있음을 시사한다[6].

특히, 주요 병원체 중 *Salmonella* spp.는 최근 3년간 증가하는 양상을 나타냈다. 이는 2021년 경기도재 김밥집과 관련한 살모넬라 집단 식중독 사례 등[7] 대규모 감염사건과 연관되어 급성설사 환자의 증가로 이어졌을 가능성이 있다. *Campylobacter* spp.는 주로 생닭이나 가금류의 접촉 및

섭취가 원인이나, 최근 미국에서의 반려동물에 의한 대규모 집단감염사례도 보고되고 있어 주의가 필요하다[8]. 미국 푸드넷(FoodNet) 보고서에 따르면 *Campylobacter* spp.는 *Salmonella* spp.와 Pathogenic *E. coli*보다도 급성설사질환의 주요 원인 병원체로 지목되고 있어[9], 가금육 소비량이 많은 국내에서도 특별한 관리가 필요하다. 그 외에도 *S. aureus*, *C. perfringens*와 같은 그람양성균의 분리건수도 지속적으로 증가하였다.

연령별 분석 결과, 영유아·아동, 60대 이상의 면역취약 계층에서 병원체 분리율이 높았으며 특히, *Salmonella* spp.와 Pathogenic *E. coli*는 전 연령대에서 높은 분리율을 보였으나 영유아·아동 연령에서 가장 높은 분리율을 보였다. 반면 *C. perfringens*는 연령이 증가할수록 높은 분리율을 보였고, *Campylobacter* spp.와 *B. cereus*는 특정 연령대에서 높은 분리율이 확인되었다. 이러한 차이는 원인 병원체별 오염된 식품이나 물에 노출되는 연령대가 식생활 습관 및 생활환경 차이에 따른 노출경로 등의 차이로 해석될 수 있다.

수인성·식품매개감염병은 개인위생 수준 및 의료기술이 향상됨에도 불구하고 식생활 변화, 외식 산업의 증가 등의 환

표 1. 성별, 연령에 따른 수인성·식품매개감염병 원인 세균 분리율(2019-2022년)

	2019		2020		2021		2022		전체	
	분리건수	%	분리건수	%	분리건수	%	분리건수	%	분리건수	%
성별										
남성	797	52.5	828	53.2	935	54.7	1,193	54.5	3,753	53.8
여성	722	47.5	728	46.8	774	45.3	997	45.5	3,221	46.2
연령(세)										
0-4	255	16.8	358	23.0	511	29.9	610	27.9	1,734	24.9
5-9	170	11.2	161	10.3	240	14.0	278	12.7	849	12.2
10-19	149	9.8	153	9.8	179	10.5	210	9.6	691	9.9
20-29	93	6.1	51	3.3	56	3.3	72	3.3	272	3.9
30-39	67	4.4	52	3.3	55	3.2	47	2.1	221	3.2
40-49	92	6.1	73	4.7	55	3.2	74	3.4	294	4.2
50-59	173	11.4	133	8.5	116	6.8	174	7.9	596	8.5
60-69	183	12.0	186	12.0	168	9.8	242	11.1	779	11.2
70-79	181	11.9	203	13.0	159	9.3	247	11.3	790	11.3
≥80	156	10.3	186	12.0	170	9.9	236	10.8	748	10.7

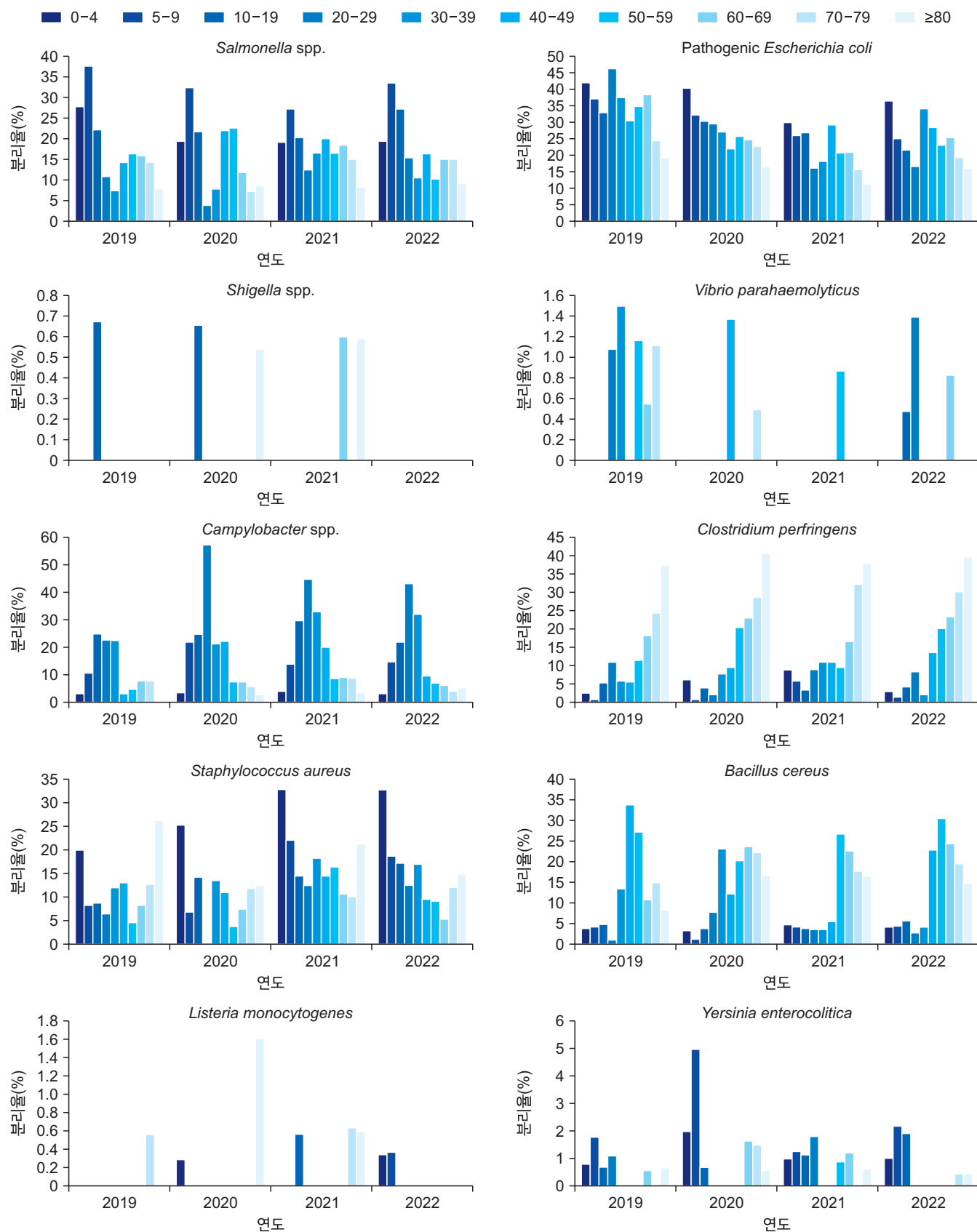


그림 3. 수인성·식품매개감염병 원인 세균 연도별 연령대별 분리율(2019-2022년)

경적 요인에 의해 지속적으로 발생하고 있다. 이에 대응하기 위해서는 국가 차원의 병원체 감시사업을 통해 원인 병원체의 유행을 지속적으로 모니터링하고, 축적된 데이터를 바탕으로 효과적인 감염병 예방 및 관리 대책을 수립하는 것이 중요하다. 협력병원과 시·도 보건환경연구원 간의 유기적인 협력을 통해 확보된 정보는 수인성·식품매개감염병 예방 및 관리를 위한 기초자료로 중요한 역할을 할 것이다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Data curation: MEH, EKS. Formal analysis: MEH, EKS. Supervision: EKS, JYK, JIY. Visualization: MEH. Writing – original draft: MEH, EKS. Writing – review & editing: EKS, JYK, JIY.

References

1. Thacker SB, Qualters JR, Lee LM; Centers for Disease Control and Prevention. Public health surveillance in the United States: evolution and challenges. *MMWR Suppl* 2012;61:3-9.
2. Centers for Disease Control and Prevention. Foodborne Diseases Active Surveillance Network (FoodNet) [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2024 [updated 2024 Sep 4; cited 2024 Jul 2]. Available from: <https://www.cdc.gov/foodnet/about/index.html>
3. Government of Canada. National Enteric Surveillance Program (NESP) [Internet]. Government of Canada; 2024 [updated 2024 June 25; cited 2024 Jul 2]. Available from: <https://www.canada.ca/en/public-health/programs/national-enteric-surveillance-program.html>
4. National Institute of Infectious Diseases. Infectious Agents surveillance Report (IASR) [Internet]. National Institute of Infectious Diseases; 2024 [cited 2024 Jul 2]. Available from: <http://www.niid.go.jp/niid/ja/iasr.html>
5. Kim DJ, Shin HS, Chae SM. Climate change and diarrheal disease prevalence in Korea. *Health Soc Welf Rev* 2012;32:281-97.
6. Yun SM. Assessing the potential impacts of climate change on food-and waterborne diseases. *Health Welf Policy Forum* 2013;3:80-91.
7. Eun JS, Han J, Lim JH, et al. Salmonellosis outbreaks linked to eggs at 2 gimhap restaurants in Korea. *Epidemiol Health* 2024;46:e2024036.
8. Sher AA, Ashraf MA, Mustafa BE, Raza MM. Epidemiological trends of foodborne *Campylobacter* outbreaks in the United States of America, 1998-2016. *Food Microbiol* 2021;97:103751.
9. Collins JP, Shah HJ, Weller DL, et al. Preliminary Incidence and trends of infections caused by pathogens transmitted commonly through food – foodborne diseases active surveillance network, 10 U.S. sites, 2016-2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2022;71:1260-64.

Laboratory Surveillance of Waterborne and Foodborne Infectious Disease Causing Bacteria in the Republic of Korea (2019–2022)

Mooneui Hong , Eundyoung Shin , Junyoung Kim , Jaeil Yoo* 

Division of Bacterial Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and Analysis,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

From 2019 to 2022, bacterial pathogens causing acute diarrhea in the Republic of Korea were analyzed to understand trends and provide foundational data for response strategies. A total of 41,227 stool samples from patients with diarrhea were collected and analyzed, resulting in the identification of 6,974 bacterial pathogen strains (16.9%). The main pathogens were *Salmonella* spp. (1,272 isolates, 18.2%), pathogenic *Escherichia coli* (1,934 isolates, 27.7%), and *Campylobacter* spp. (732 isolates, 10.5%). Annual analyses showed high isolation rates of *Salmonella* spp. and pathogenic *E. coli* in 2020 and 2021, whereas the isolation rate of *Campylobacter* spp. increased by 2022. The monthly analysis indicated the highest isolation rates from June to August, peaking at 26.0% in August. The highest isolation rates were observed in the 0–9 years (37.0%) and >60 years (33.2%) age groups. Males had a higher isolation rate (53.8%) than females (46.2%). This study contributes to the understanding of the epidemiology and risk factors of waterborne and foodborne infectious diseases by providing essential data for effective prevention and response strategies.

Key words: Enter-Net; Surveillance; Acute diarrhea disease; Diarrhea-causing bacteria

*Corresponding author: Jaeil Yoo, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@korea.kr

Introduction

Infectious disease surveillance primarily focuses on identifying individuals who have been in contact with patients with infectious diseases and preventing the further spread of infectious diseases through rapid diagnosis and isolation. In the late 1960s, the World Health Organization expanded this concept to “epidemiological surveillance,” emphasizing more comprehensive measures beyond simple tracking. By the late 1990s, the U.S. Centers for Disease Control and Prevention defined

“infectious disease surveillance” as a concept that includes data analysis and information sharing to support the planning, implementation, and evaluation of public health initiatives.

Such development of the surveillance concept is also being applied to the management of waterborne and foodborne infectious diseases (WFIDs). WFIDs, caused by infectious pathogens such as bacteria and viruses, lead to symptoms such as diarrhea, vomiting, fever, and abdominal pain. These diseases continue to occur globally each year and are recognized as a major public health problem [1]. In particular, the risk of

Key messages

① What is known previously?

Waterborne and foodborne infectious diseases primarily occur in summer and have high incidence rates among vulnerable groups such as children and the elderly. The primary pathogens include *Salmonella* spp., pathogenic *E. coli*, and *Campylobacter* spp.

② What new information is presented?

The analysis results indicate a continued annual increase in *Salmonella* spp. Furthermore, in 2022, there was a significant rise in the isolation of Gram-positive bacteria, including *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, and *Clostridium perfringens*.

③ What are implications?

It is important to manage food and personal hygiene in response to climate and environmental changes. In addition, the changing patterns of disease prevalence highlight the need for new hygiene management and preventive measures.

WFIDs is increasing due to the expansion of the foodservice industry and the growing institutional food services, which heighten the likelihood of multiple individuals being infected simultaneously. These infectious diseases are becoming an even greater concern due to the losses associated with patient treatment and hospitalization.

Due to the public health significance of WFIDs, pathogen surveillance for WFIDs is prioritized over others. In the U.S., FoodNet [2], along with FoodNet Canada (formerly C-EnterNet) in Canada [3], and the National Institute of Infectious Diseases in Japan, are making leading efforts to generate pathogen detection-related data [4]. These initiatives aim to detect pathogens early and prevent the spread of infectious diseases.

In the Republic of Korea (ROK), the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has been conducting tests on pathogens causing WFIDs since 1972, in collaboration with public health centers nationwide, municipal and provincial institutes of public health and environment, and KDCA laboratories nationwide. In 2001, an active pathogen surveillance system was established, and in 2003, the KDCA launched the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net). Since 2008, the KDCA has improved surveillance operations in various ways such as expanding the target pathogens, shortening the reporting cycle, and speeding up the delivery of related results and information. Since 2010, the KDCA has been providing relevant organizations with periodic reports on domestic trends of diarrhea occurrence, based on a weekly reporting system. Since 2012, the surveillance network was expanded to monitor a total of 10 pathogens by adding 4 Gram-positive bacteria and 1 Gram-negative bacterium to the existing surveillance pathogen list.

Currently, this surveillance project collects specimens and clinical data from patients with diarrhea at approximately 70 collaborating hospitals nationwide, which are participating in the project. Additionally, 18 municipal and provincial institutes of public health and environment conduct laboratory tests to identify the causative pathogens. The Bacterial Diseases Division of the Laboratory Diagnosis and analysis Department at the KDCA then conducts a comprehensive analysis of these results to provide information on the occurrence patterns of acute diarrhea and the associated pathogens.

In recent years, the impact of climate change on the outbreak and spread of WFIDs has gained increasing attention. Climate change-induced temperature rise, changes in water temperature, changes in precipitation, and the growing

frequency of natural disasters are changing the survival and transmission environments of pathogens, thereby increasing the risk of infectious disease outbreaks [5]. Consequently, analyzing the correlation between climate change and WFID outbreaks has become crucial. The need for reliable pathogen surveillance data is also increasing to support these analyses.

This study aimed to analyze the isolation status and characteristics of bacterial pathogens associated with acute diarrhea, as identified through the WFID pathogen surveillance project over the past 4 years, from 2019 to 2022.

Methods

1. Specimen Collection

This study targeted fecal specimens collected from patients with acute diarrhea at collaborating hospitals nationwide, as part of a WFID pathogen surveillance project conducted over 4 years, from 2019 to 2022. Specimens were collected from 77 collaborating hospitals nationwide, and sent in a refrigerated state (14°C) to 18 municipal and provincial institutes of public health and environment, as well as the KDCA.

2. Pathogen Isolation and Identification

Major bacterial pathogens were isolated and identified using methods such as microbial culture, biochemical tests, and genetic detection assays. The target pathogens for isolation included *Salmonella* spp., pathogenic *Escherichia coli* (*E. coli*), enterohemorrhagic *E. coli* (EHEC), enterotoxigenic *E. coli* (ETEC), enteropathogenic *E. coli* (EPEC), enteroinvasive *E. coli* (EIEC), *Campylobacter* spp., *Vibrio parahaemolyticus* (*V. parahaemolyticus*), *Shigella* spp., *Clostridium perfringens* (*C. perfringens*), *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), *Bacillus cereus*

(*B. cereus*), *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*), and *Yersinia enterocolitica* (*Y. enterocolitica*).

Each pathogen was cultured using selective media specific to the respective pathogen following enrichment culture. The isolated strains were then confirmed through biochemical tests and detection of toxin genes and pathogen-specific genes.

Results

The results of testing stool specimens collected from a total of 41,227 patients with diarrhea nationwide through the WFID pathogen surveillance project over the past 4 years (2019–2022) showed that the surveillance target pathogens were confirmed in 6,974 specimens, accounting for 16.9% of all specimens. The identified pathogens were classified as *Salmonella* spp. (1,272 cases, 18.2%) and pathogenic *E. coli* (1,934 cases, 27.7%). Among the pathogenic *E. coli*, there were 1,647 cases of EPEC (85.2%), 178 cases of ETEC (9.2%), 103 cases of EHEC (5.3%), and 6 cases of EIEC (0.3%). In addition, 14 cases of *V. parahaemolyticus* (0.2%), 5 cases of *Shigella* spp. (0.1%), 732 cases of *Campylobacter* spp. (10.5%), 975 cases of *C. perfringens* (14.0%), 1,163 cases of *S. aureus* (16.7%), 803 cases of *B. cereus* (11.5%), 11 cases of *L. monocytogenes* (0.2%), and 65 cases of *Y. enterocolitica* (0.9%) were isolated (Figure 1).

Regarding the annual pathogen isolation status, pathogenic *E. coli* showed a decreasing trend from 2019 to 2021 but then increased drastically from 400 cases in 2021 to 571 cases in 2022. *Salmonella* spp. increased from 259 cases in 2020 to 409 cases in 2022 over 3 years. *S. aureus*, *B. cereus*, and *C. perfringens* also exhibited an increasing trend in isolation in 2022. *Campylobacter* spp. showed an increasing trend until

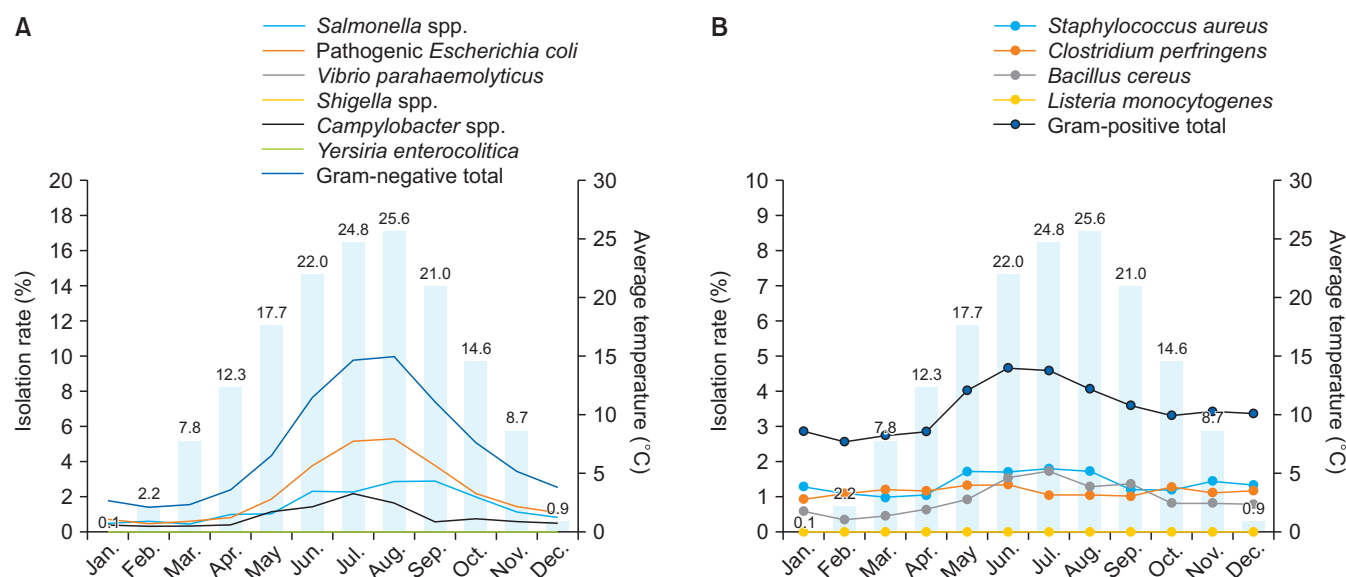


Figure 1. Monthly isolation rates of water- and food-borne bacterial pathogens in the Republic of Korea
(A) Isolation rate of Gram-negative bacteria. (B) Isolation rate of Gram-positive bacteria.

2021, but its isolation in 2022 was similar to that in the preceding year. *Y. enterocolitica* was isolated in 23 cases in 2020, and its isolation decreased to 15 cases in 2021, but increased again to 18 cases in 2022. *V. parahaemolyticus* was isolated in 2 cases in 2020 and 1 case in 2021, with an increase to 4 cases in 2022. *Shigella* spp. were isolated in 2 cases in both 2020 and 2021, but no isolation cases were reported in 2022. *L. monocytogenes* was isolated in 4 cases in 2020 and in 3 cases in both 2021 and 2022 (Figure 2).

The analysis of the monthly isolation rates of pathogenic bacteria revealed that the annual average isolation rates of bacterial pathogens ranged from 15.2% to 18.6% over the past 4 years. A comparison with the monthly average temperature indicated that the isolation rates tended to be high from June to September, when the temperature was above 20°C. In particular, the average isolation rates of Gram-negative bacteria were the highest in July and August, while the isolation rates of Gram-positive bacteria peaked in June. *Salmonella* spp., pathogenic *E. coli*, and *Campylobacter* spp. showed a tendency to be

continuously isolated from May to October. The isolation of *S. aureus*, a Gram-positive bacterium, slightly increased from May but exhibited a decreasing trend after August. *C. perfringens* was isolated throughout the year, regardless of the season, and the isolation rate of *B. cereus* increased in June and July (Figure 1).

The results of analyzing the isolation rate of pathogenic bacteria by age and sex revealed that the highest isolation rates were found in individuals aged 0–9 years (37.0%) and those aged 60 years or older (33.2%). In terms of the outbreak trends by age group over the past 4 years, *Salmonella* spp. consistently exhibited a high isolation rate among those aged under 10 years and those in their teens. Pathogenic *E. coli* was isolated across all age groups, with particularly high isolation rates in individuals aged under 5 years. *Campylobacter* spp. tended to be isolated mainly from individuals in their 20s, while the Gram-positive bacterium *C. perfringens* demonstrated a higher isolation rate with increasing age. *B. cereus* was predominantly isolated from individuals in their 50s and 60s. The results

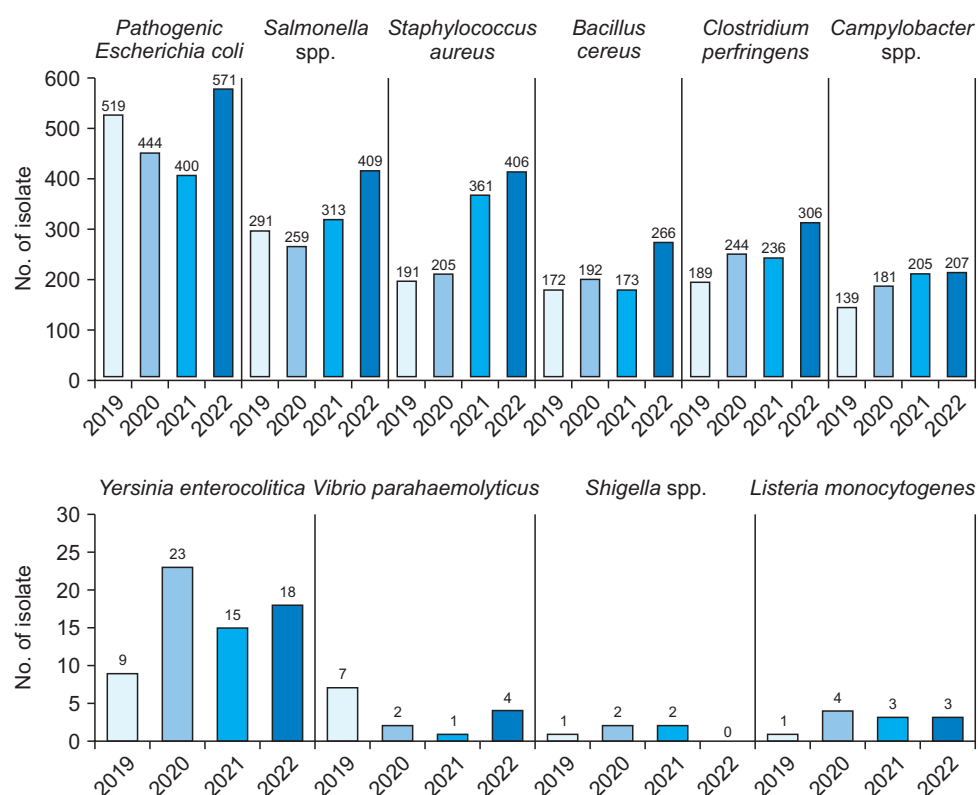


Figure 2. Yearly trends in isolation of water- and food-borne bacterial pathogens in the Republic of Korea (2019–2022)

Table 1. The isolation rates of water- and food-borne bacterial pathogens by sex and age (2019–2022)

	2019		2020		2021		2021		Total	
	No. of isolate	%	No. of isolate	%	No. of isolate	%	No. of isolate	%	No. of isolate	%
Sex										
Male	797	52.5	828	53.2	935	54.7	1,193	54.5	3,753	53.8
Female	722	47.5	728	46.8	774	45.3	997	45.5	3,221	46.2
Age (yr)										
0–4	255	16.8	358	23.0	511	29.9	610	27.9	1,734	24.9
5–9	170	11.2	161	10.3	240	14.0	278	12.7	849	12.2
10–19	149	9.8	153	9.8	179	10.5	210	9.6	691	9.9
20–29	93	6.1	51	3.3	56	3.3	72	3.3	272	3.9
30–39	67	4.4	52	3.3	55	3.2	47	2.1	221	3.2
40–49	92	6.1	73	4.7	55	3.2	74	3.4	294	4.2
50–59	173	11.4	133	8.5	116	6.8	174	7.9	596	8.5
60–69	183	12.0	186	12.0	168	9.8	242	11.1	779	11.2
70–79	181	11.9	203	13.0	159	9.3	247	11.3	790	11.3
≥80	156	10.3	186	12.0	170	9.9	236	10.8	748	10.7

indicated a significant difference in the detection of pathogenic bacteria by age group ($p<0.05$), with a higher isolation rate in men (53.8%) than in women (46.2%), showing a significant

difference between the sexes ($p<0.05$) (Table 1, Figure 3).

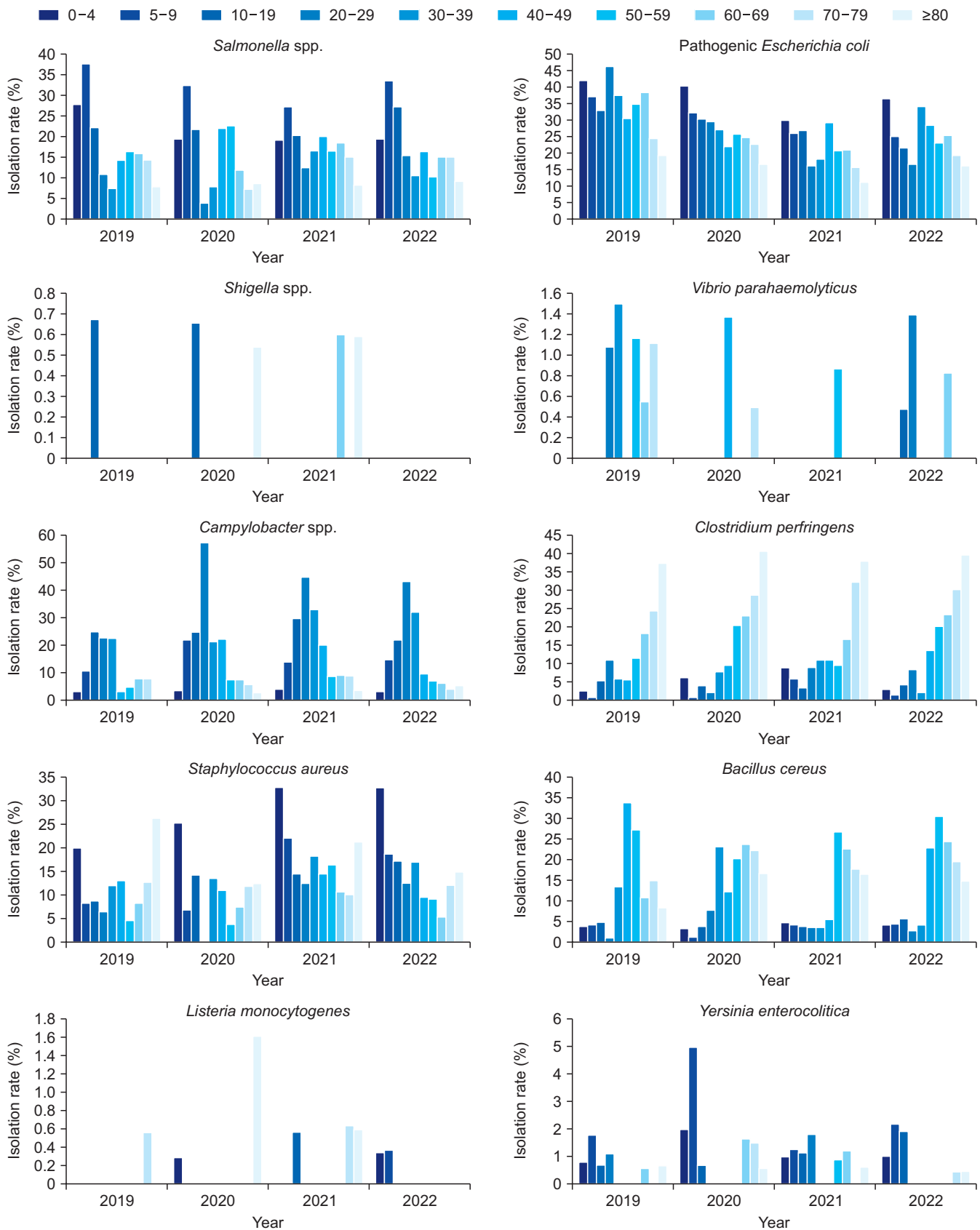


Figure 3. The isolation rates of water-and food-borne bacterial pathogens by year and age (2019–2022)

Conclusion

This study analyzed the status of 6,974 bacterial pathogens isolated from 41,227 cases of acute diarrhea confirmed through the WFID surveillance network over 4 years, from 2019 to 2022. The major pathogens—*Salmonella* spp., pathogenic *E. coli*, and *Campylobacter* spp.—are common causes of food poisoning and exhibited high isolation rates from May to October, coinciding with rising temperatures. This suggests that changes in environmental factors, such as increased temperatures due to climate change, can significantly impact the prevalence of major pathogens associated with WFIDs [6].

In particular, *Salmonella* spp., among the major pathogens, has shown an increasing trend over the past 3 years. This rise may be linked to large-scale infection incidents, such as the mass food poisoning case associated with a kimchap restaurant in Gyeonggi Province in 2021, which likely contributed to an increase in patients with acute diarrhea [7]. *Campylobacter* spp. is primarily contracted through contact with and consumption of raw chicken or poultry. However, large-scale outbreaks caused by companion animals have also been reported in the U.S., warranting caution [8]. According to a report by FoodNet in the U.S., *Campylobacter* spp. is identified as a major pathogen causing acute diarrhea compared to *Salmonella* spp. and pathogenic *E. coli* [9]. Therefore, special control measures are needed in the ROK as well, where poultry meat consumption is high. In addition, the number of isolated cases of Gram-positive bacteria, such as *S. aureus* and *C. perfringens*, has also shown a continuous increase.

The analysis results by age revealed that the isolation rate of pathogens was high among immune-vulnerable groups, such as infants, children, and individuals aged 60 years or older. In

particular, *Salmonella* spp. and pathogenic *E. coli* demonstrated high isolation rates across all age groups, with the highest rates observed in infants and children. Conversely, *C. perfringens* exhibited increasing isolation rates with advancing age, while *Campylobacter* spp. and *B. cereus* showed elevated isolation rates in specific age groups. These differences can be interpreted as variations in exposure routes to pathogens, which may stem from differences in dietary habits and living environments among the age groups exposed to contaminated food or water by causative pathogen.

Despite improvements in personal hygiene and medical technology, WFIDs continue to occur due to environmental factors such as changes in dietary habits and the growing food-service industry. To address this issue, it is crucial to continuously monitor pathogen outbreaks through the national pathogen surveillance project and to establish effective prevention and management measures for infectious diseases based on the accumulated data. Information obtained through collaborative efforts between hospitals and municipal or provincial institutes of public health and environment will provide essential data for the prevention and management of WFIDs.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Data curation: MEH, EKS. Formal analysis: MEH, EKS. Supervision: EKS, JYK, JIY. Visualization: MEH. Writing – original draft: MEH, EKS.

Writing – review & editing: EKS, JYK, JIY.

References

1. Thacker SB, Qualters JR, Lee LM; Centers for Disease Control and Prevention. Public health surveillance in the United States: evolution and challenges. *MMWR Suppl* 2012;61:3-9.
2. Centers for Disease Control and Prevention. Foodborne Diseases Active Surveillance Network (FoodNet) [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2024 [updated 2024 Sep 4; cited 2024 Jul 2]. Available from: <https://www.cdc.gov/foodnet/about/index.html>
3. Government of Canada. National Enteric Surveillance Program (NESP) [Internet]. Government of Canada; 2024 [updated 2024 June 25; cited 2024 Jul 2]. Available from: <https://www.canada.ca/en/public-health/programs/national-enteric-surveillance-program.html>
4. National Institute of Infectious Diseases. Infectious Agents surveillance Report (IASR) [Internet]. National Institute of Infectious Diseases; 2024 [cited 2024 Jul 2]. Available from: <http://www.niid.go.jp/niid/ja/iasr.html>
5. Kim DJ, Shin HS, Chae SM. Climate change and diarrheal disease prevalence in Korea. *Health Soc Welf Rev* 2012;32:281-97.
6. Yun SM. Assessing the potential impacts of climate change on food-and waterborne diseases. *Health Welf Policy Forum* 2013;3:80-91.
7. Eun JS, Han J, Lim JH, et al. Salmonellosis outbreaks linked to eggs at 2 gimhap restaurants in Korea. *Epidemiol Health* 2024;46:e2024036.
8. Sher AA, Ashraf MA, Mustafa BE, Raza MM. Epidemiological trends of foodborne *Campylobacter* outbreaks in the United States of America, 1998-2016. *Food Microbiol* 2021;97:103751.
9. Collins JP, Shah HJ, Weller DL, et al. Preliminary Incidence and trends of infections caused by pathogens transmitted commonly through food – foodborne diseases active surveillance network, 10 U.S. sites, 2016-2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2022;71:1260-64.

2023-2024년 국내에서 발생한 빈대의 분포 조사

김기훈 , 조선란 , 이희일*

질병관리청 진단분석국 매개체분석과

초 록

빈대(bed bug)는 체외 기생충으로 전 세계적으로 24개 속 110여 종이 보고되어 있다. 그 중 사람을 흡혈하는 빈대는 3개 종으로, 빈대(*Cimex lectularius*), 반날개빈대(*Cimex hemipterus*), *Leptocimex boueti*가 있다. 국내에는 1945년 이후 지속적으로 감소되어 근절된 것으로 추정하였으나, 최근 여행객 또는 주한 미군 부대로부터 *C. lectularius*가 보고되었다. *C. hemipterus*는 1934년에 보고된 이후 보이지 않다가 최근 오산시 주택에서 발생이 보고되었다. 이에 본 연구에서는 국내 빈대의 종 동정하고, 유전적 다양성을 분석하여 해외 유입 여부를 조사하였다. 빈대의 종 동정을 위하여 형태적 동정과 분자생물학적 동정을 병행하여 수행하였다. 성충은 형태적 특징을 이용한 동정이 가능하지만 유충·약충은 형태적 특징이 불분명하기에 분자적 동정을 하였다. 또한 유전적 다양성을 분석하여 해외 유입 여부를 분석하기 위해 cytochrome oxidase I을 시퀀싱하여 계통분석을 수행하였다. 연구 결과, 국내에서 서식하는 빈대는 두 종으로 확인되었으며, 주로 *C. hemipterus*가 채집되었다. 그리고 *C. hemipterus*의 유전형은 단일 유전형으로 확인된 반면, *C. lectularius*는 3가지 유전형이 확인되었다. 본 연구 결과가 빈대의 감시 및 방제 등 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 생각된다.

주요 검색어: 빈대류; 빈대; 반날개빈대; 종 동정; 유전적 다양성

서 론

빈대(bed bug)는 체외 기생충으로 전 세계적으로 24개 속 110여 종이 보고되어 있으며[1], 주로 박쥐나 새를 흡혈하며, 일부 종은 사람을 흡혈한다[2]. 사람을 대상으로 흡혈하는 빈대는 빈대(*Cimex lectularius*), 반날개빈대(*Cimex hemipterus*), *Leptocimex boueti*가 있다. *C. lectularius*는 온대 지역 내 여러 국가에서 발생하며[3,4], *C. hemipterus*는 아열대와 열대 지역인 동남 아시아, 아프리카, 호주 등에서 서식한다

[4,5]. *L. boueti*는 오직 아프리카에서만 서식하는 종으로 알려져 있다[6]. 빈대는 알, 약충, 성충으로 불완전 변태를 하며, 각 발달 단계마다 최소 1회 이상의 흡혈을 한다[7]. 성충은 갈색을 띠며, 2-3일 간격으로 산란하여 약 200-500개의 알을 산란한다. 성충의 생존 기간은 약 9-18개월이며, 흡혈하지 않은 개체는 최대 260일 이상 생존한다[8].

빈대는 제2차 세계대전(1939-1945년)을 기점으로 급격히 발생 국가가 증가하였고, 전쟁 후 활발한 물류 이동 및 빠른 도시화, 세계 여행객의 증가 그리고 살충제 저항성 발달 등

Received August 6, 2024 Revised August 29, 2024 Accepted September 9, 2024

*Corresponding author: 이희일, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



KDCA
Korea Disease Control and
Prevention Agency

핵심요약

① 이전에 알려진 내용은?

과거 국내에서 빈대가 서식하였으나, 1945년 이후 지속적으로 감소되어 근절된 것으로 추정된다.

② 새로이 알게 된 내용은?

빈대(*Cimex lectularius*)와 반날개빈대(*Cimex hemipterus*)가 서식하고 있으며, 주로 *C. hemipterus*가 채집되었고, 단일 유전형으로 확인되었다. *C. lectularius*는 3개의 유전형 그룹이 확인되었다.

③ 시사점은?

국내 *C. hemipterus*의 해외 유입 가능성이 매우 높으나, 유전적 다양성이 떨어져 확인이 어렵다. *C. lectularius*는 3가지 유전형 그룹이 확인되었고, 그 중 2개 그룹은 해외 유입 가능성이 매우 높다. 그리고 다른 1개 유전형 그룹은 국내 토착 strain의 가능성이 있으나, 검체 부족으로 인하여 추가 검체 확보 및 연구가 필요하다.

으로 서식지가 확산되었다[9,10]. 유럽은 아시아보다 먼저 확산되었는데, 영국은 1503년 *C. lectularius*의 첫 발생을 보고하였고 1939년 런던에서 약 400만 명이 빈대로 인한 피해를 입었다[5]. 또한, 독일은 1948년 도심 내 40.0%가 빈대에 감염되어 있음을 보고하였다[5]. 아시아 지역 중 일본은 19세기 이전에는 빈대의 존재가 보고되지 않았으나, 1860년대 국제 무역이 활발히 이뤄지는 남부 지역에서 최초로 보고된 이후 지속적으로 보고되고 있다[5]. 중국은 1953년에 전국 빈대 발생 현황을 조사한 결과, *C. lectularius*와 *C. hemipterus*의 발생을 보고하였다[5]. 국내의 경우, 1934년도 조사를 통하여 두 종의 빈대 분포를 확인하였으나, 1945년 이후 빈대 발생에 의한 보고는 없었다[11,12]. 그러나 2007년에 뉴저지에 체류했던 사람으로부터 *C. lectularius*의 존재를 보고하였고, 이후 국내 미군 주둔지 및 주택에서 *C. lectularius*가 채집되었다[13,14]. 특히 *C. hemipterus*는 2021년 오산에서 발견되어 1934년 보고된 이후 재발견이 보고되었다[14].

국내에서 보고된 빈대에 대한 선행 연구는 국내 종 분포 현황보다 살충제 저항성 확인을 중점으로 보고하였다[12,14,15]. 따라서 다소 한정적인 지역 내에서 수행하였기에, 전국적인 빈대 분포 현황 확인이 어렵다. 또한 유전적 다양성 및 해외에 보고된 종과의 연관성 확인을 하지 않았기에 해외 유입 여부 확인이 어려웠다. 따라서 본 연구에서는 전국에서 확보한 빈대의 종 동정 및 유전적 다양성 분석하여 국내 빈대 발생 현황을 알리고자 한다.

방 법

1. 빈대 검체 확보

빈대는 2023년 11월부터 2024년 4월까지 보건소 및 보건기관, 방역 업체를 통하여 총 52개 지역으로부터 243개 개체를 확보하였다. 확보한 검체는 종 동정 및 실험을 위해 1.5 ml tube에 1개 개체씩 넣은 뒤 -20℃에 보관하였다.

2. 빈대의 형태학적, 분자학적 동정

제공받은 검체는 해부현미경을 통하여 Usinger (1966), Ghauri (1973), Walpole (1987)의 방법을 참고하여 형태학적 종 동정을 수행하였다[16]. 형태학적 동정으로 *C. lectularius*은 앞가슴 폭/길이의 비율이 2.5 이상이며, 앞가슴판의 측엽이 넓으며, *C. hemipterus*은 앞가슴 폭/길이의 비율은 2.5 이하이며, 앞가슴판의 측엽이 좁다(그림 1) [12].

형태학적인 동정이 어려운 유충·약충과 재확인이 필요한 성충 검체의 정확한 종 동정을 위하여 분자생물학적 동정을 동시에 수행하였다. 분자생물학적 동정은 Clear-S™ Quick DNA extraction kit (Invitrus)를 이용하여 DNA를 추출하였고, 추출한 DNA는 cytochrome oxidase I (COI)을 증폭시키기 위해 ProFlex polymerase chain reaction (PCR) System (Applied Biosystems)을 사용하였다(표 1). PCR 조건은 Seri Masran과 Ab Majid [17]의 방법을 참고하였다. PCR product

는 시퀀싱 후 blast를 이용하여 종 동정을 수행하였다.

3. 유전적 다양성 및 계통 분석

종 동정 후 국내 유전적 다양성 및 해외 유입 여부를 확인하기 위해, NCBI GenBank 내 등록된 COI 염기서열을 사용하였다[18]. *C. lectularius*의 분석을 위하여 미국, 체코, 헝가리, 캐나다, 영국, 핀란드에서 보고된 COI 염기서열을 사용하였고, *C. hemipterus*는 방글라데시, 체코, 미국, 태국, 말레이시아, 이란, 노르웨이, 중국, 인도에서 보고된 15개의 COI 염기서열을 사용하였다. 그리고 아웃 그룹으로 *Triatoma dimidiata* (JQ575031.1)를 사용하였다. 염기서열의 alignment를 위하여 Bioedit ver 7.7.1 (<http://bioedit.software.informer.com>)



그림 1. (A) 빈대(*Cimex lectularius*)와 (B) 반날개빈대(*Cimex hemipterus*)의 형태적 특징

을 이용하여 FASTA 형식으로 변환시킨 뒤, MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis, ver. 11.0.13)를 이용하여 neighbor-joining 방법으로 phylogenetic tree를 작성하였다.

결 과

1. 국내 빈대 발생 현황

빈대 검체는 15개 시·도 52개 지역에서 확보하였고, 검체를 형태학적으로 분류한 결과, *C. hemipterus*는 48개 지역에서 226개 개체(93.0%), *C. lectularius*는 4개 지역에서 17개 개체(7.0%)가 확인되었다. 또한 *C. hemipterus*는 전국적으로 분포하고 있으며, *C. hemipterus*와 *C. lectularius*가 동시에 채집된 지역은 1개 지역으로 확인되었다(표 2). *C. lectularius*가 채집된 지역은 서울 2개 지역, 경기 1개 지역, 전남 1개 지역으로 확인되었다. 빈대가 주로 발생한 환경으로는 주택가(33.3%)와 기숙사(29.3%), 고시텔(25.3%) 순으로 조사되었다.

2. 빈대의 유전적 다양성 및 계통분석

국내에서 채집한 *C. hemipterus*의 유전적 다양성을 확

표 1. 빈대 종 분류 및 PCR 조건

부위	프라이머	서열	크기 (bp)
COI	CHP-10 (F)	5'-TTC GGA ATG TGG GCA GGG AT-3'	468
	CHP-10 (R)	5'-GGT TAT TCC GGC AGG ACG TAT-3'	
온도 (°C)		시간	횟수
94		4분	1
94		30초	30
60-45 ^{a)}		30초	
72		1분	
94		30초	30
45		30초	
72		1분	
72		10분	1

PCR=polymerase chain reaction; COI=cytochrome oxidase I; F=forward primer; R=revers primer; bp=base pair. ^{a)}PCR touchdown process로 annealing temperature를 매 cycle마다 0.5℃씩 ramping down 시킴.

표 2. 빈대 채집 및 확보 지역

종	채집 지역		채집 환경
	시·도	지역	
빈대 (<i>Cimex lectularius</i>)	서울	영등포구, 중랑구	고시텔, 주택가
	경기	안양시 만안구	고시텔
	전남	신안	주택가
반날개빈대 (<i>Cimex hemipterus</i>)	서울	송파구, 구로구, 중구, 용산구, 관악구, 마포구, 은평구, 금천구, 영등포구	고시텔, 주택가, 사우나
	인천	연수구, 서구	기숙사, 주택가
	대전	유성구, 중구	주택가
	광주	서구	주택가
	울산	울산, 울주군	주택가, 기숙사
	부산	중구	여객선
	경기	평택, 안성, 김포, 오산, 시흥, 성남시, 용인시 수지구, 안양시 동안구, 남양주 풍양, 파주시	고시텔, 기숙사, 주택가, 사무실
	강원	원주	기숙사
	충북	청주시 상당구, 청주시 흥덕구, 충주	주택가, 기숙사
	충남	천안시, 천안시 동남구, 천안시 서북구, 서천군, 공주시, 아산시	기숙사, 주택가, 숙박시설
	경북	울진	기숙사
	경남	김해, 양산, 진주, 창원, 고성	기숙사, 주택가, 비행기
	전북	군산	여객선
	전남	진도, 목포, 완도	주택가, 기숙사
	제주	서귀포	숙박시설

인한 결과, 모두 동일한 유전형을 가지고 있는 것으로 확인되었다(그림 2). 국외 9개국 13개 유전형과 계통분석을 수행한 결과, 인도(OM108444.1), 중국(MK883766.1), 노르웨이(OM700201.1), 마우리타니아(OP898553.1)를 제외한 9개 유전형과 일치하였으며, 선행 연구로 보고된 국내 유전형(OP185034.1)과도 염기 서열 차이를 보이지 않았다. *C. lectularius*의 유전적 다양성을 확인한 결과 서울 3개 지점에서 확보한 *C. lectularius*는 동일한 유전형(CL1)이 확인되었으나, 안양(CL2), 신안(CL3)에서 확보한 종은 각기 다른 그룹으로 분류되었다(그림 3). 국외 6개국 7개 유전형과 계통분석을 수행한 결과, 서울 strain은 미국(KU874630.1), 체코(MF680529.1)와 같은 그룹으로 확인되었고, 안양 strain은 캐나다(KR044731.1), 영국(MG596836.1), 미국(KR002584.1)과 같은 그룹으로 확인되었다. 신안 strain의 경우 서울, 안양 strain과는 다른 유전형으로 확인되었다.

논 의

일반적으로 빈대는 전 세계적으로 다양한 종이 존재하며, 사람을 대상으로 흡혈 기생하는 빈대는 3종이 있다. 그 중 *C. lectularius*와 *C. hemipterus*는 국내에 전국적으로 분포하며, 본 연구에서는 주로 *C. hemipterus*가 채집되었다. 선행 연구에서 *C. hemipterus*는 한반도 전역에 서식하고, *C. lectularius*는 경상도 및 전라도에 주로 서식하는 것으로 보고되었다[11]. 그러나 본 연구에서는 *C. lectularius*는 서울, 경기도 지역에서도 서식하는 것으로 확인되었다. *C. hemipterus*와 *C. lectularius*의 서식에서 기후는 크나큰 영향을 끼쳤으나, 현재는 난방 및 실내 습기 유지 등으로 인하여 적절한 서식 환경이 만들어졌기에 확산의 원인으로 보기 어렵다[9]. 그러나 물리적 요인인 사람 혹은 의류, 운송 수단, 이동수단의 경우 빈대 확산의 주요 원인으로 생각된다[10,18-20]. 2007년 미국에

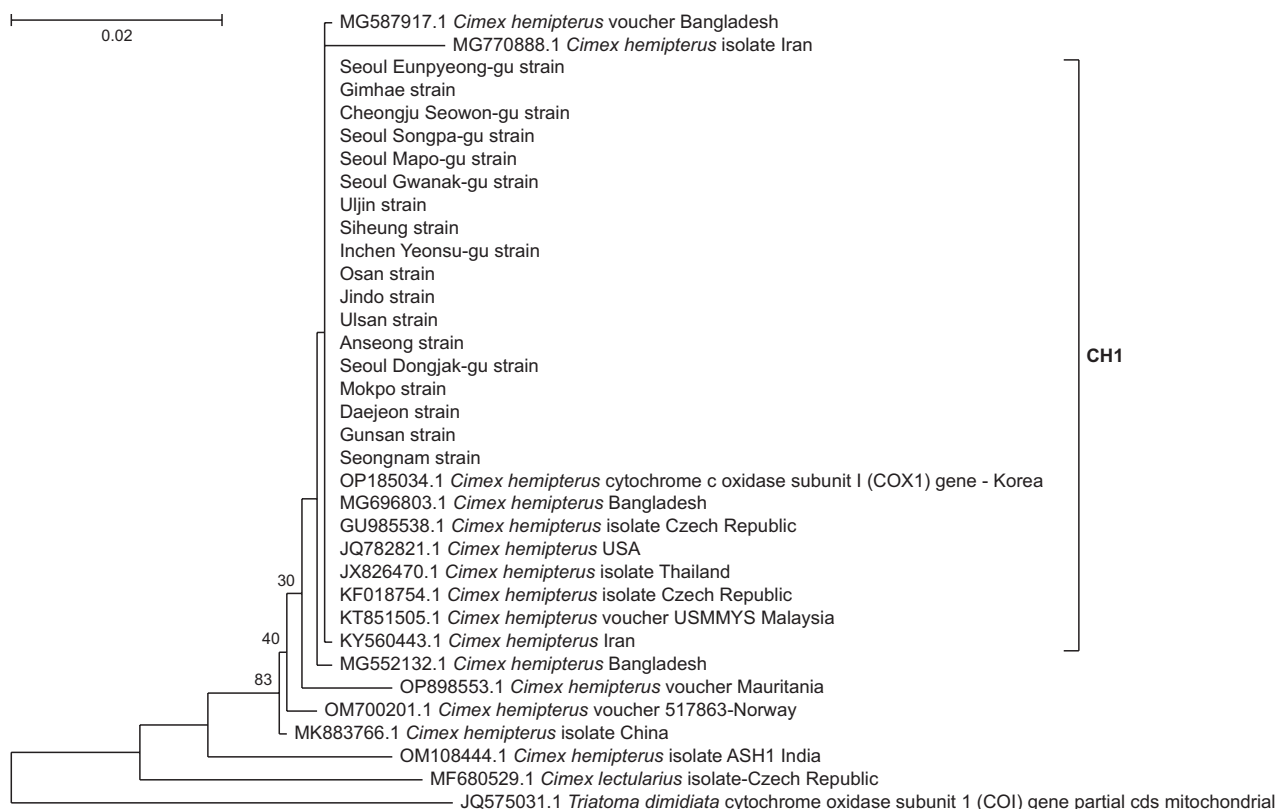


그림 2. 반날개빈대(*Cimex hemipterus*) 계통도

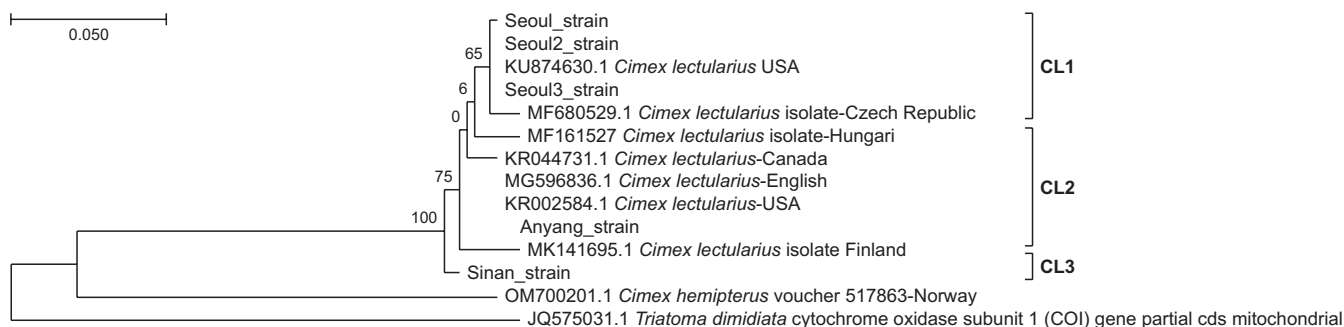


그림 3. 빈대(*Cimex lectularius*) 계통도

서 빈대 발생 현황을 조사한 결과, 뉴욕, 로스엔젤레스 등 유동 인구가 많은 관문 도시에서의 빈대 신고가 급증하였다[8]. 또한, 주요 이동 수단인 비행기, 선박 등에서 빈대가 발견되었다고 보고하였다[19,20]. 본 연구에서도 *C. hemipterus*가 비행기와 여객선에서 발견되었다.

국내에서 서식하는 빈대의 해외 유입 가능성을 확인하고자 유전적 다양성을 비교하였다. 확인 결과, *C. hemipterus*는

국내 단일 유전형이 분포하는 것으로 확인되었고, 국내 선행 연구에서 등록한 유전형(오산, OP185034)과도 동일한 것으로 확인되었다[15]. 국내 선행 연구의 경우 말레이시아, 케냐, 이란 등 해외 유전형과 비교한 결과 동일한 유전형으로 확인되었는데[15], 본 연구에서도 동일하게 확인되었다. 또한 인근 국가의 선행 연구에서도 모두 동일한 유전형이 확인되었다[17,21,22]. 이러한 결과는 *C. hemipterus*의 경우 근친 교배

특성을 가지고 있음에 따라 유전적 다양성이 매우 낮은 것으로 생각된다[23]. 예를 들어 Booth 등[24]은 노스캐롤라이나 주와 뉴저지 주에 위치한 빌딩에서 채집한 빈대의 유전적 다양성을 확인하기 위해 대립 유전자를 분석한 결과, 332개 개체 중 330개 개체가 동일한 대립 유전자를 가진 것이 확인되어 모두 단일 유전형을 가지고 있음을 보고하였다.

그러나 이번 조사에서 *C. lectularius*의 유전형은 3개 그룹으로 확인되었다. Chebbah 등[22]의 경우 프랑스 파리에서 채집된 *C. lectularius*의 유전형은 2개 그룹으로 보고하였다. 이는 발생 국가별로 유전형 차이가 있음을 보여주고 있다. 국내에서는 서울 strain 그룹, 안양 strain 그룹 그리고 신안 strain 그룹이 확인되었다. 이 중 서울 strain은 미국과 체코에서 등록된 유전형과 유사한 것으로 확인되었으며, 안양 strain은 캐나다, 영국, 핀란드, 미국에서 등록한 유전형과 유사하기에, 이들 두 strain은 해외 유입 가능성이 매우 높을 것으로 생각된다. 그러나 신안 strain은 별도의 그룹으로 나뉘어져 있고, 해외 strain과도 유의성이 큰 것으로 확인되었다. 이는 기존 국내 토착종으로 생각되나, 추가 검체 확보 및 연구가 필요하다.

본 연구에서는 국내 17개 시·도 중 15개 시·도에서 빈대를 확인하였다. 국내에서 발생한 빈대는 *C. hemipterus*와 *C. lectularius*이며, 그 중 *C. hemipterus*가 주로 확보되었다. 두 빈대의 해외 유입 가능성을 확인하기 위하여 유전적 다양성을 분석한 결과, *C. hemipterus*는 동일한 유전형으로 확인되어 해외 유입 여부를 판단하기 어려웠다. 반면에, *C. lectularius*는 3가지 유전형 그룹이 확인되었으며, 이 중 두 strain은 해외로부터 유입 가능성이 매우 높을 것으로 생각된다. 그리고 신안 strain은 해외 등록된 유전형과 다른 그룹을 형성하여 국내 토착종으로 생각되나, 추가 연구가 필요하다. 본 연구는 국내 서식하는 빈대의 분포와 유전형에 대한 정보를 제공하여 빈대 감시 및 방제 등의 기초 자료로 활용할 수 있을 것으로 생각된다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Data curation: SRC, GHK. Formal analysis: SRC, GHK. Investigation: SRC, GHK. Project administration: HIL. Resources: SRC, GHK. Supervision: HIL. Visualization: SRC, GHK. Writing – original draft: GHK. Writing – review & editing: HIL.

References

1. Walt HK, King JG, Sheele JM, Meyer F, Pietri JE, Hoffmann FG. Do bed bugs transmit human viruses, or do humans spread bed bugs and their viruses? A worldwide survey of the bed bug RNA virosphere. *Virus Res* 2024; 343:199349.
2. Talbot B, Balvín O, Vonhof MJ, Broders HG, Fenton B, Keyghobadi N. Host association and selection on salivary protein genes in bed bugs and related blood-feeding ectoparasites. *R Soc Open Sci* 2017;4:170446.
3. Omori N. Comparative studies on the ecology and physiology of common and tropical bed bugs, with special reference to the reactions to temperature and moisture. *J Med Assoc Formosa* 1941;60:555-729.
4. Cannet A, Akhoundi M, Berenger JM, Michel G, Marty P, Delaunay P. A review of data on laboratory colonies of bed bugs (Cimicidae), an insect of emerging medical relevance. *Parasite* 2015;22:21.
5. Akhoundi M, Sereno D, Durand R, et al. Bed bugs (Hemiptera, Cimicidae): overview of classification, evolution and dispersion. *Int J Environ Res Public Health* 2020;17:4576.
6. Weeks EN, Birkett MA, Cameron MM, Pickett JA, Logan JG. Semiochemicals of the common bed bug, *Cimex lectularius*.

- larius* L. (Hemiptera: Cimicidae), and their potential for use in monitoring and control. *Pest Manag Sci* 2011;67:10–20.
7. Insect Disease Vector Division, Immunopathology Center, Korea Disease Control and Prevention Center. Case reports and control of common bedbug (*Cimex lectularius*). *Public Health Wkly Rep* 2009;2:213–6.
8. Korea Disease Control and Prevention Agency. Bed bug information book. 2nd ed. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2023. p. 5–6.
9. Balvín O, Sasínková M, Martinů J, et al. Early evidence of establishment of the tropical bedbug (*Cimex hemipterus*) in Central Europe. *Med Vet Entomol* 2021;35:462–7.
10. Lai O, Ho D, Glick S, Jagdeo J. Bed bugs and possible transmission of human pathogens: a systematic review. *Arch Dermatol Res* 2016;308:531–8.
11. Bureau of Medicine and Surgery Navy Department. Epidemiology of the Diseases of Naval Importance in Korea. U.S. Government Printing Office; 1948.
12. Cho S, Kim HC, Eom H, et al. Species identification and pyrethroid resistance genotyping of recently resurgent *Cimex lectularius* and *Cimex hemipterus* in Korea. *Parasites Hosts Dis* 2024;62:251–6.
13. Lee IY, Ree HI, An SJ, Linton JA, Yong TS. Reemergence of the bedbug *Cimex lectularius* in Seoul, Korea. *Korean J Parasitol* 2008;46:269–71.
14. Cho S, Kim HC, Chong ST, et al. Monitoring of pyrethroid resistance allele frequency in the common bed bug (*Cimex lectularius*) in the Republic of Korea. *Korean J Parasitol* 2020;58:99–102.
15. Cho S, Shin EH, Ju HC, Jeong ES, Lee SH, Kim JH. The first recent case of *Cimex hemipterus* (Hemiptera: Cimicidae) with *super-kdr* mutations in the Republic of Korea. *J Med Entomol* 2023;60:822–7.
16. Benoit JB. Stress tolerance of bed bugs: a review of factors that cause trauma to *Cimex lectularius* and *C. Hemipterus*. *Insects*. 2011;2:151–72.
17. Seri Masran SNA, Ab Majid AH. Genetic diversity and phylogenetic relationships of cytochrome c oxidase subunit I in *Cimex hemipterus* (Hemiptera: Cimicidae) populations in Malaysia. *J Med Entomol* 2017;54:974–9.
18. Davies TG, Field LM, Williamson MS. The re-emergence of the bed bug as a nuisance pest: implications of resistance to the pyrethroid insecticides. *Med Vet Entomol* 2012;26:241–54.
19. Mouchtouri VA, Anagnostopoulou R, Samanidou-Voyadjoglou A, et al. Surveillance study of vector species on board passenger ships, risk factors related to infestations. *BMC Public Health* 2008;8:100.
20. Loudon C. Rapid killing of bed bugs (*Cimex lectularius* L.) on surfaces using heat: application to luggage. *Pest Manag Sci* 2017;73:64–70.
21. Baqir HA, Ab Majid AH. Genetic diversity and phylogenetic relationships of tropical bed bugs (Hemiptera: Cimicidae) infestation from different regions of Iraq. *Gene Rep* 2024;34:101866.
22. Chebbah D, Elissa N, Sereno D, et al. Bed bugs (Hemiptera: Cimicidae) population diversity and first record of *Cimex hemipterus* in Paris. *Insects* 2021;12:578.
23. Akhoundi M, Raharisoa A, Andrianjafy RL, Chebbah D, Razanakolona LR, Izri A. Morphological and molecular identification of *Cimex hemipterus* Fabricius, 1803 (Hemiptera: Cimicidae) and first report of *C. lectularius* Linnaeus, 1758, in Madagascar. *J Med Entomol* 2022;59:1081–5.
24. Booth W, Saenz VL, Santangelo RG, Wang C, Schal C, Vargo EL. Molecular markers reveal infestation dynamics of the bed bug (Hemiptera: Cimicidae) within apartment buildings. *J Med Entomol* 2012;49:535–46.

Investigation of the Distribution of Bed Bugs (Hemiptera: Cimicidae) Occurring in the Republic of Korea from 2023 to 2024

Gi-hun Kim , Sun-Ran Cho , Hee-Il Lee* 

Division of Vectors and Parasitic Diseases, Department of Laboratory Diagnosis and Analysis,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Bed bugs are ectoparasites, and approximately 110 species belonging to 24 genera have been reported globally. Three species of bed bugs are used for human blood-feeding: *Cimex lectularius*, *Cimex hemipterus*, and *Leptocimex boueti*. It is believed that the bed bug population was continuously reduced in the Republic of Korea (ROK) and then eradicated in 1945. However, *C. lectularius* has recently been reported by travelers or US military units stationed in the ROK. *C. hemipterus* has not been observed since it was first reported in 1934. However, it was recently reported at a house in Osan. In this study, we attempted to survey distribution of bed bugs to confirm the species identification and analyze their genetic diversity. To identify the bed bug species, morphological and molecular identification were performed. Adults can be identified using morphological characteristics. Whereas, larvae and nymphs can be identified by molecular methods, because their morphological characteristics are unclear. Phylogenetic analysis was performed by sequencing cytochrome oxidase I to analyze genetic diversity. As a result of the study, two species of bed bugs were identified living in the ROK, and *C. hemipterus* was mainly collected. While *C. hemipterus* was confirmed to have a single genotype, three genotypes of *C. lectularius* were confirmed. The results of this study may be used as a baseline for bed bug monitoring and control in the ROK.

Key words: Bedbugs; *Cimex lectularius*; *Cimex hemipterus*; Species identification; Genetic variation

*Corresponding author: Hee-Il Lee, Tel: +82-43-719-8560, E-mail: isak@korea.kr

Introduction

Bed bugs are ectoparasites, with more than 110 species in 24 genera reported worldwide [1], primarily feeding on bats and birds, although some species feed on humans [2]. Species that suck human blood include *Cimex lectularius*, *Cimex hemipterus* and *Leptocimex boueti*. *C. lectularius* is found in various countries within temperate regions [3,4], while *C.*

hemipterus is endemic to subtropical and tropical regions of Southeast Asia, Africa, and Australia [4,5]. *L. boueti* is a species only found in Africa [6]. Bed bugs are insect that undergo incomplete metamorphosis, going from eggs to nymphs and then directly to adults. At each growth stage, they require blood feeding at least once to growth to the next stage [7]. The adults are characterized by their brown body color and lay eggs every two to three days, producing approximately 200 to 500 eggs.

Key messages

① What is known previously?

Bed bugs used to be present in the Republic of Korea (ROK), but their population has declined steadily since 1945 and they are thought to have been eradicated.

② What new information is presented?

Cimex lectularius and *Cimex hemipterus* have previously been reported in the ROK. *C. hemipterus* was identified as having a single genotype. Three genotypic groups were identified in *C. lectularius*.

③ What are implications?

The possibility that native *C. hemipterus* has been introduced from other countries is high, but confirmation is difficult because of the lack of historical diversity data. Three genotype groups were identified for *C. lectularius*, two of which have a high possibility of being introduced to other countries and two of which are most likely imported from other countries. Another genotype group is likely to be an indigenous strain, but could not be analyzed due to a lack of samples. Therefore, additional sample acquisition is necessary.

The adults typically live approximately from 9 to 18 months, and can survive for up to 9 months or more without feeding [8].

The number of countries where bed bugs are endemic have been increased dramatically after World War II (1939–1945), and their habitats also have been spread after the war due to active logistics movements, rapidly expanded urbanization, increased global travels, and most importantly the development of insecticide resistance [9,10]. The spread in Europe preceded that in Asia, with the United Kingdom reporting the first outbreak of *C. lectularius* in 1503 and an estimated 4 million people affected by bed bugs at London in 1939 [5]. In 1948, Germany reported that 40% of their urban areas were infested with bed bugs [5]. In Asia, Japan was not reported to have bed

bugs until the 18th century, but they were first reported in the 1860s at the southern region, where international trade was active, and have been reported ever since [5]. China reported the outbreaks of *C. lectularius* and *C. hemipterus* in 1953 following with national bed bug survey [5]. In the Republic of Korea (ROK), a survey in 1934 confirmed the distribution of *C. lectularius* and *C. hemipterus*, but there have been no reports of bed bug outbreaks since 1945 [11,12]. However, in 2007, a person who had been in New Jersey reported the presence of bed bugs, and *C. lectularius* has since been collected from United States military bases and residences domestically [13,14]. *C. hemipterus* was first reported in 1934 and was re-discovered in 2021 [14].

Previous studies on bed bugs reported in the ROK have focused on identifying insecticide resistance rather than species distribution in the country [12,14,15]. Because the survey was conducted in a relatively limited geographic area, it is hard to difficult for determining the national distribution of bed bugs. Genetic diversity and associations with species reported abroad were not identified, making it difficult to confirm whether they were introduced from overseas. Therefore, this study aims to identify the species and analyze the genetic diversity of bed bugs collected from across the country to inform the current status of bed bug occurrence in the ROK.

Methods

1. Collecting Bed Bug Samples

From November 2023 to April 2024, 243 bed bugs were collected from 52 locations through health centers, public health and environment research institute, and pest control companies. The obtained samples were stored at -20°C in 1.5

ml tubes for species identification and experiments.

2. Morphological and Molecular Identification of Bed Bugs

Samples were examined under a dissecting microscope for morphological identification using the methods of Usinger (1966), Ghauri (1973), and Walpole (1987) [16]. By morphological identification, *C. lectularius* was found to have a pronotum width/length ratio greater than to 2.5, and the lateral lobes of the pronotal plate were broad, while *C. hemipterus* was found to have a pronotum width/length ratio of 2.5 or less, and the lateral lobes of the pronotal plate were narrow (Figure



Figure 1. Bed bugs for morphological identification character. (A) *Cimex lectularius*, (B) *Cimex hemipterus*

1) [12].

Molecular biological identification was performed simultaneously to ensure accurate species identification. For molecular biological identification, DNA was extracted using the Clear-STM Quick DNA extraction kit (Invirustech), and the extracted DNA was subjected to amplification of cytochrome oxidase I (COI) using the ProFlex PCR System (Applied Biosystems) (Table 1). The PCR conditions were followed by Seri Masran and Ab Majid [17]. After the sequencing of PCR products were sequenced, species identification was performed using blast.

3. Genetic Diversity and Phylogenetic Analysis

To confirm genetic diversity and overseas introduction, the sequence was compared with the COI base sequence registered in NCBI GenBank [18]. For the analysis of *C. lectularius*, COI sequences reported from six countries, including the United States, were used. And for *C. hemipterus*, co1 sequences reported from nine countries, including Bangladesh, were used. *Triatoma dimidiata* (JQ575031.1) was used as an outgroup. For sequence alignment, the sequences were converted to

Table 1. Classification of bed bug species and PCR conditions

Target site	Primer name	Sequence	Size (bp)
COI	CHP-10 (F)	5'-TTC GGA ATG TGG GCA GGG AT-3'	468
	CHP-10 (R)	5'-GGT TAT TCC GGC AGG ACG TAT-3'	
Temperature (°C)		Time	Cycle
94		4 min	1
94		30 sec	30
60-45 ^{a)}		30 sec	
72		1 min	
94		30 sec	
45		30 sec	30
72		1 min	
72		10 min	1

PCR=polymerase chain reaction; COI=cytochrome oxidase I; F=forward primer; R=revers primer; bp=base pair. ^{a)}The PCR touchdown process reduces the annealing temperature by 0.5°C per cycle.

FASTA format using Bioedit (ver 7.7.1), and a phylogenetic tree was constructed using the neighbor-joining (NJ) method using Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) (ver. 11.0.13).

Results

1. Current Status of Bed Bug Occurrence in the Republic of Korea

Bed bug samples were collected from 52 locations in 15 provinces, and after morphologically categorizing the samples, 226 individuals (93.0%) of *C. hemipterus* were identified in 48 locations, and 17 individuals (7.0%) of *C. lectularius*

were identified in four locations. Furthermore, *C. hemipterus* is widespread throughout the country and only one area was identified where both species were collected at the same time (Table 2). *C. lectularius* was collected from two regions in Seoul, one in Gyeonggi-do, and one in Jeollanam-do. Bed bugs were most commonly found in residential homes (33.3%), followed by dormitories (29.3%) and Gosiwon (25.3%). A Korean goshiwon is an establishment that provides accommodation with lodging or study facilities.

2. Genetic Diversity and Phylogenetic Analysis of Bed Bugs

As a result of identifying the genetic diversity of domestically

Table 2. Bed bug collection and securing area by 17 regions

Species	Collection site		Collection environment
	Province	City	
<i>Cimex lectularius</i>	Seoul	Yeongdeungpo-gu, Jungnang-gu	Gositel, residential area
	Gyeonggi	Anyang (Manan-gu)	Gositel
	Jeonnam	Sinan	Residential area
<i>Cimex hemipterus</i>	Seoul	Songpa-gu, Guro-gu, Jung-gu, Yongsan-gu, Gwanak-gu, Mapo-gu, Eunpyeong-gu, Geumcheon-gu, Yeongdeungpo-gu	Gositel, residential area, sauna
	Incheon	Yeonsu-gu, Seo-gu	Dormitory, residential area
	Daejeon	Yuseong-gu, Jung-gu	Residential area
	Gwangju	Seo-gu	Residential area
	Ulsan	Ulsan, Ulju-gun	Dormitory, residential area
	Busan	Jung-gu	Passenger ship
	Gyeonggi	Pyeongtaek, Anseong, Gimpo, Osan, Siheung, Seongnam, Yongin (Suji-gu), Anyang (Dongan-gu), Namyangju, Paju	Gositel, dormitory, residential area, office
	Gangwon	Wonju	Dormitory
	Chungbuk	Cheongju (Sangdang-gu, Heungdeok-gu), Chungju	Dormitory, residential area
	Chungnam	Cheonan (Seobuk-gu, Dongnam-gu), Seochon, Gongju, Asan	Dormitory, residential area, hotel
	Gyeongbuk	Uljin	Dormitory
	Gyeongnam	Gimhae, Yangsan, Jinju, Changwon, Goseong	Dormitory, residential area, airplane
	Jeonbuk	Gunsan	Passenger ship
	Jeonnam	Jindo, Mokpo, Wando	Dormitory, residential area
	Jeju	Seogwipo	Hotel

collected *C. hemipterus*, all samples have the same genotype (Figure 2). Phylogenetic analysis of 13 genotypes and phylogenies from overseas showed agreement with 9 genotypes, except for India (OM108444.1), China (MK883766.1), Norway (OM700201.1) and Mauritania (OP898553.1). They also showed no sequence differences with domestic genotype (OP185034.1) reported in previous studies. Analysis of the genetic diversity of *C. lectularius* revealed that *C. lectularius*

collected from the three sites in Seoul were identified as the same genotype (CL1), but species collected from Anyang (CL2) and Sinan (CL3) were categorized into different groups (Figure 3). As a result of phylogenetic analysis with foreign genotypes, the Seoul strain was confirmed to be similar to the genotypes of the United States (KU874630.1) and the Czech Republic (MF680529.1), and the Anyang strain was confirmed to be similar to 3 foreign genotypes, including Canada

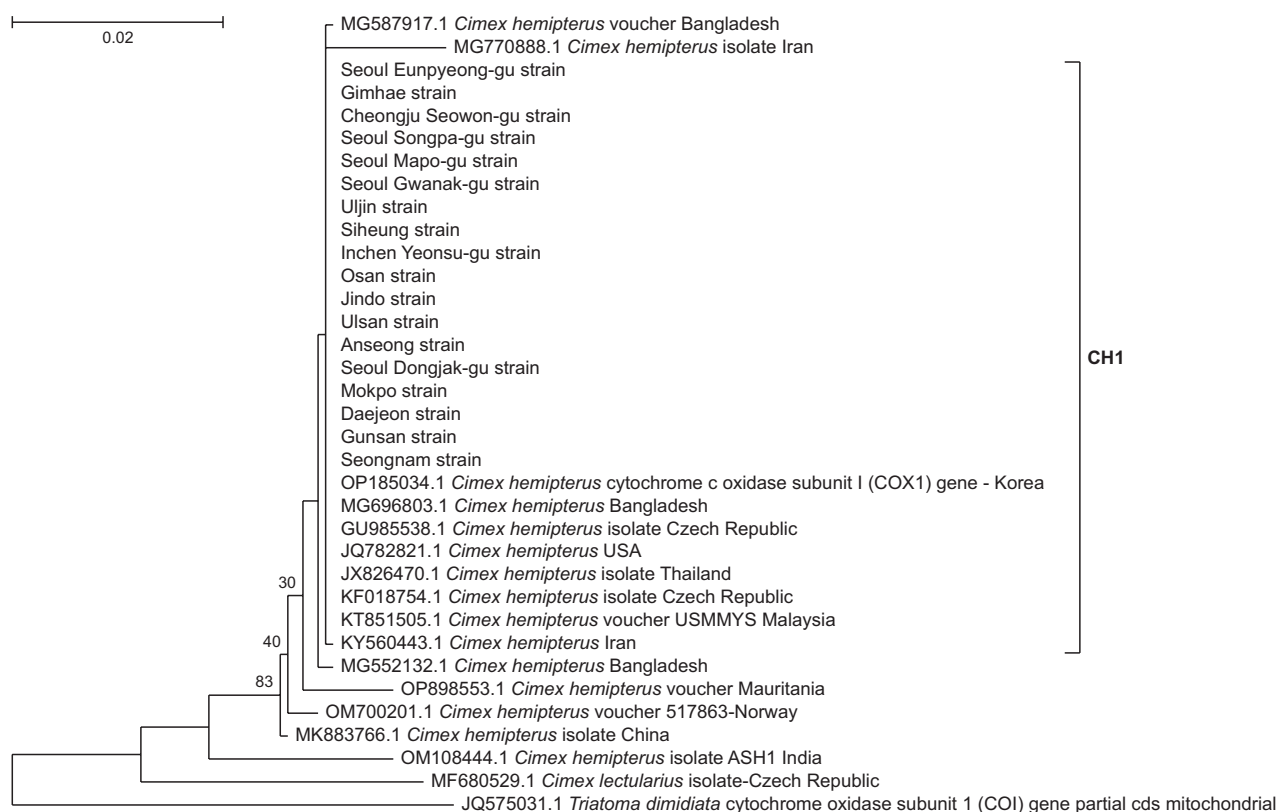


Figure 2. Phylogenetic classification of *Cimex hemipterus*

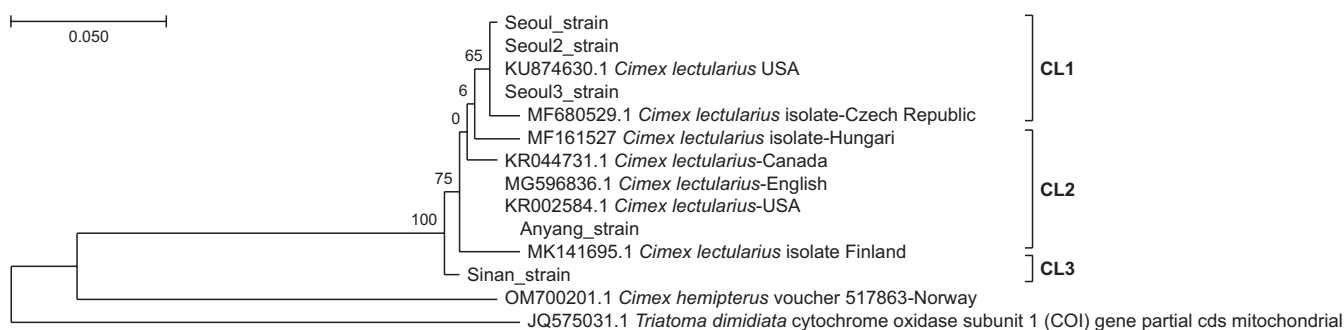


Figure 3. Phylogenetic classification of *Cimex lectularius*

(KR044731.1). The Sinan strain was identified as a different genotype from the Seoul and Anyang strains.

Discussion

In general, there are many different species of bed bugs worldwide, but three species of bed bugs feed on human blood. Among them, *C. lectularius* and *C. hemipterus* are distributed in the ROK, with *C. hemipterus* being the main species collected in this study. According to a study reported in 1948, *C. hemipterus* was distributed throughout the Korean Peninsula, while *C. lectularius* was primarily found in the southern regions [11]. However, in this study *C. lectularius* was also collected in Seoul and Gyeonggi Province. Climate has a significant impact on the habitat of *C. hemipterus* and *C. lectularius*. However, due to the suitable temperature and humidity levels within residential areas, bed bug reproduction is consistently maintained. Thus, it is challenging to consider climate change as a primary factor in the spread of bed bugs [9]. Physical factors such as people, clothing, vehicles and transportation are also important in the spread of bed bugs [10,18-20]. A 2007 survey on bed bug infestations in the United States indicated a sharply increase of bed bug populations in high-traffic gateway cities, such as New York and Los Angeles [8]. Bed bugs have also been reported on airplanes, ships, and other significant modes of transportation [19,20]. In this study, *C. hemipterus* was also found on airplanes and passenger ships.

The genetic diversity of domestic bed bugs was analyzed to detect possibility of international introductions. It was confirmed that *C. hemipterus* has a single genotype distributed in the ROK, which is the same genotype registered in a previous study in the ROK (Osan, OP185034) [15]. In a previous study

in the ROK, the same genotype was confirmed by comparing with international genotypes from Malaysia, Kenya, and Iran [15], which is consistent with this study. All previous studies in neighbouring countries have also identified as the same genotype [17,21,22]. These results suggest that *C. hemipterus* has very low genetic diversity due to its inbreeding characteristics [23]. For example, Booth et al. [24] analyzed alleles to determine the genetic diversity of bed bugs collected from buildings in North Carolina and New Jersey and reported that 330 out of 332 individuals were found to have the same allele, indicating that they all had a single genotype.

However, three groups of *C. lectularius* genotypes were identified in this study. Chebbah et al. [22] reported the presence of two genotype groups of *C. lectularius* collected in Paris, France. This suggests the existence of genotype variations by country. In the ROK, three strain groups were identified: the Seoul, Anyang, and the Sinan strain group. Of these, the Seoul strain showed similarities genotypes previously registered in the United States and the Czech Republic, while the Anyang strain was found to be similar to genotypes registered in Canada, the United Kingdom, Finland, and the United States. This suggests that both strains may have been introduced from abroad. In contrast, the Sinan strain was identified as distinct group, with clear differences from foreign strains. This strain is considered likely to be indigenous to the ROK, but further sampling and investigation is required to confirm this hypothesis.

The study found bed bugs in 15 out of 17 cities and provinces (si and do) in the ROK. The bed bugs found in the ROK include *C. hemipterus* and *C. lectularius*, of which *C. hemipterus* was dominant. Genetic diversity was analyzed to determine the possibility that the two bed bug species were introduced overseas. As the *C. hemipterus* were confirmed to have

the same genotype, it is difficult to determine whether they were introduced or not. In contrast, three genotypic groups were identified for *C. lectularius*, two of which were likely to have been introduced from abroad. However, the Sinan strain forms a different group from genotypes registered abroad and is indigenous to the ROK, but further research is required.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: HIL. Data curation: SRC, GHK. Formal analysis: SRC, GHK. Investigation: SRC, GHK. Project administration: HIL. Resources: SRC, GHK. Supervision: HIL. Visualization: SRC, GHK. Writing – original draft: GHK. Writing – review & editing: HIL.

References

1. Walt HK, King JG, Sheele JM, Meyer F, Pietri JE, Hoffmann FG. Do bed bugs transmit human viruses, or do humans spread bed bugs and their viruses? A worldwide survey of the bed bug RNA virosphere. *Virus Res* 2024; 343:199349.
2. Talbot B, Balvín O, Vonhof MJ, Broders HG, Fenton B, Keyghobadi N. Host association and selection on salivary protein genes in bed bugs and related blood-feeding ectoparasites. *R Soc Open Sci* 2017;4:170446.
3. Omori N. Comparative studies on the ecology and physiology of common and tropical bed bugs, with special reference to the reactions to temperature and moisture. *J Med Assoc Formosa* 1941;60:555-729.
4. Cannet A, Akhoundi M, Berenger JM, Michel G, Marty P, Delaunay P. A review of data on laboratory colonies of bed bugs (Cimicidae), an insect of emerging medical relevance. *Parasite* 2015;22:21.
5. Akhoundi M, Sereno D, Durand R, et al. Bed bugs (Hemiptera, Cimicidae): overview of classification, evolution and dispersion. *Int J Environ Res Public Health* 2020;17: 4576.
6. Weeks EN, Birkett MA, Cameron MM, Pickett JA, Logan JG. Semiochemicals of the common bed bug, *Cimex lectularius* L. (Hemiptera: Cimicidae), and their potential for use in monitoring and control. *Pest Manag Sci* 2011;67: 10-20.
7. Insect Disease Vector Division, Immunopathology Center, Korea Disease Control and Prevention Center. Case reports and control of common bedbug (*Cimex lectularius*). *Public Health Wkly Rep* 2009;2:213-6.
8. Korea Disease Control and Prevention Agency. Bed bug information book. 2nd ed. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2023. p. 5-6.
9. Balvín O, Sasínková M, Martínů J, et al. Early evidence of establishment of the tropical bedbug (*Cimex hemipterus*) in Central Europe. *Med Vet Entomol* 2021;35:462-7.
10. Lai O, Ho D, Glick S, Jagdeo J. Bed bugs and possible transmission of human pathogens: a systematic review. *Arch Dermatol Res* 2016;308:531-8.
11. Bureau of Medicine and Surgery Navy Department. Epidemiology of the Diseases of Naval Importance in Korea. U.S. Government Printing Office; 1948.
12. Cho S, Kim HC, Eom H, et al. Species identification and pyrethroid resistance genotyping of recently resurgent *Cimex lectularius* and *Cimex hemipterus* in Korea. *Parasites Hosts Dis* 2024;62:251-6.
13. Lee IY, Ree HI, An SJ, Linton JA, Yong TS. Reemergence of the bedbug *Cimex lectularius* in Seoul, Korea. *Korean J Parasitol* 2008;46:269-71.
14. Cho S, Kim HC, Chong ST, et al. Monitoring of pyrethroid resistance allele frequency in the common bed bug (*Cimex lectularius*) in the Republic of Korea. *Korean J Parasitol* 2020;58:99-102.
15. Cho S, Shin EH, Ju HC, Jeong ES, Lee SH, Kim JH. The first recent case of *Cimex hemipterus* (Hemiptera: Cimicidae) with *super-kdr* mutations in the Republic of Korea. *J Med Entomol* 2023;60:822-7.
16. Benoit JB. Stress tolerance of bed bugs: a review of factors that cause trauma to *Cimex lectularius* and *C. Hemip-*

- terus*. Insects. 2011;2:151-72.
17. Seri Masran SNA, Ab Majid AH. Genetic diversity and phylogenetic relationships of cytochrome c oxidase subunit I in *Cimex hemipterus* (Hemiptera: Cimicidae) populations in Malaysia. J Med Entomol 2017;54:974-9.
18. Davies TG, Field LM, Williamson MS. The re-emergence of the bed bug as a nuisance pest: implications of resistance to the pyrethroid insecticides. Med Vet Entomol 2012;26:241-54.
19. Mouchtouri VA, Anagnostopoulou R, Samanidou-Voyadjoglou A, et al. Surveillance study of vector species on board passenger ships, risk factors related to infestations. BMC Public Health 2008;8:100.
20. Loudon C. Rapid killing of bed bugs (*Cimex lectularius* L.) on surfaces using heat: application to luggage. Pest Manag Sci 2017;73:64-70.
21. Baqir HA, Ab Majid AH. Genetic diversity and phylogenetic relationships of tropical bed bugs (Hemiptera: Cimicidae) infestation from different regions of Iraq. Gene Rep 2024;34:101866.
22. Chebbah D, Elissa N, Sereno D, et al. Bed bugs (Hemiptera: Cimicidae) population diversity and first record of *Cimex hemipterus* in Paris. Insects 2021;12:578.
23. Akhoundi M, Raharisoa A, Andrianjafy RL, Chebbah D, Razanakolona LR, Izri A. Morphological and molecular identification of *Cimex hemipterus* Fabricius, 1803 (Hemiptera: Cimicidae) and first report of *C. lectularius* Linnaeus, 1758, in Madagascar. J Med Entomol 2022;59:1081-5.
24. Booth W, Saenz VL, Santangelo RG, Wang C, Schal C, Vargo EL. Molecular markers reveal infestation dynamics of the bed bug (Hemiptera: Cimicidae) within apartment buildings. J Med Entomol 2012;49:535-46.