



주간 건강과 질병

# PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 17, No. 20, May 23, 2024

## Content

### 유행 보고

825 사업장에서 발생한 결핵 역학조사 결과

### 연구 논문

840 지역사회 아동·청소년 비만 예방관리사업 역량강화를 위한 정책 제언

859 국내 원숭이두창 바이러스 전장유전체분석: 메타지노믹 시퀀싱과 액상 혼성화 시퀀싱 방법 비교

### 질병 통계

874 시·도별 현재흡연율 격차 추이, 2014-2023년

### 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](mailto:phwrcdc@korea.kr))로 성명, 소속, 이메일 주소를 기재하여 신청할 수 있다.

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

발행일: 2024년 5월 23일

발행인: 지영미

발행처: 질병관리청

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

**류소연**

조선대학교 의과대학

**염준섭**

연세대학교 의과대학

**박지혁**

동국대학교 의과대학

**유석현**

가톨릭대학교 의과대학

**손현진**

동아대학교 의과대학

**하미나**

단국대학교 의과대학

## 편집위원

**고현선**

가톨릭대학교 의과대학 서울성모병원

**곽진**

전북대학교 의과대학

**권동혁**

질병관리청

**김동현**

한림대학교 의과대학

**김수영**

한림대학교 의과대학

**김원호**

질병관리청 국립보건연구원

**김윤희**

인하대학교 의과대학

**김은진**

질병관리청

**김중곤**

서울의료원

**김호**

서울대학교 보건대학원

**박영준**

질병관리청

**송경준**

서울대학교병원운영 서울특별시보라매병원

**신다연**

인하대학교 자연과학대학

**안정훈**

이화여자대학교 신산업융합대학

**엄중식**

가천대학교 의과대학

**오경원**

질병관리청

**오주환**

서울대학교 의과대학

**유영**

고려대학교 의과대학

**유효순**

질병관리청

**이경주**

국립재활원

**이선희**

부산대학교 의과대학

**이윤환**

아주대학교 의과대학

**이재갑**

한림대학교 의과대학

**이혁민**

연세대학교 의과대학

**전경만**

삼성서울병원

**정은옥**

건국대학교 의과대학

**정재훈**

가천대학교 의과대학

**최선화**

국가수리과학연구소

**최원석**

고려대학교 의과대학

**최은화**

서울대학교어린이병원

**허미나**

건국대학교 의과대학

## 사무국

**박희빈**

질병관리청

**이은영**

질병관리청

**이희재**

질병관리청

## 원고편집인

**하현주**

(주)메드랑

## 사업장에서 발생한 결핵 역학조사 결과

이윤희, 손다현, 고아라, 김태은, 김윤아\*

질병관리청 충청권질병대응센터 감염병대응과

### 초 록

결핵은 결핵균(*Mycobacterium tuberculosis*)에 의해 공기로 전파되는 공기매개 감염병으로 결핵환자의 기침, 재채기 등 증상으로 공기 중에 결핵균이 배출되어 주위 사람을 감염시킬 수 있는 질병이다. 집단시설 내 결핵환자 발생 시 역학적으로 연관성이 있는 접촉자를 대상으로 결핵 역학조사를 실시하고 있다. 이 원고는 충청권의 한 사업장에서 발생한 결핵 사례를 조사한 것으로 사업장 내에서 발생한 결핵환자들의 역학적 특성과 접촉자들의 조사 결과를 분석하였다. 특히 환자와 밀접한 접촉을 한 직원들의 잠복결핵감염 및 발병률을 조사하여, 결핵 예방 및 관리를 위한 방안을 제시하고자 하였다. 또한, 환자와 추가환자들의 결핵균 유전형 분석을 통해 집단 내 전파 경로를 파악하고, 환경적 요인이 전파에 미치는 영향을 평가하였다. 그 결과 동일 사업장 내 추가 결핵환자가 2명 발생하였고, 유전형 분석 결과 동일 유형으로 확인되어 집단 내 전파사례로 확인되었다. 이를 통해 사업장 결핵 예방 및 관리에 있어서 조기 대응과 환경 관리의 중요성을 강조하고자 한다.

**주요 검색어:** 결핵; 역학조사; 접촉자 조사; 사업장; 유전형

### 서 론

결핵은 결핵균(*Mycobacterium tuberculosis*)에 의해 공기로 전파되는 공기매개 감염병이다. 국내 결핵 신환자 수는 2011년 39,557명에서 2022년 16,264명(인구 10만 명당 31.7명)으로 지속적으로 감소하였으나 아직 경제개발협력기구(OECD) 가입국 중 결핵 발생률 2위로 높은 발생률을 보이고 있어 적극적인 관리가 필요한 상황이다[1,2]. 집단시설(사업장, 사회복지시설 등) 내 결핵환자 발생 시 같은 공간에

서 생활한 접촉자를 대상으로 결핵 역학조사를 실시하고 있으며, 이는 추가 결핵환자를 발견하여 결핵 전파를 차단하고, 잠복결핵 감염자를 발견·치료하여 향후 결핵 발병을 예방하기 위함이다[3]. 본 유행보고는 2021년 12월 충청권역 내 결핵으로 신고된 지표환자의 객담(가래) 검사 결과 도말 양성(4+), 결핵균 핵산증폭검사(tuberculosis-polymerase chain reaction) 양성이 확인되었고, ‘국가결핵관리지침’에 따라 지표환자가 소속된 해당 A사업장을 대상으로 결핵 역학조사 결과를 정리하였다.

Received March 20, 2024 Revised April 12, 2024 Accepted April 14, 2024

\*Corresponding author: 김윤아, Tel: +82-42-220-1520, E-mail: [yunaghim@korea.kr](mailto:yunaghim@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?**

결핵은 결핵균(*Mycobacterium tuberculosis*)에 의해 공기로 전파되는 공기매개 감염병으로 집단시설 내 결핵환자 발생 시 같은 공간에서 생활한 접촉자를 대상으로 결핵 역학조사를 실시하고, 결핵 전파 경로 및 집단 발생 사례를 파악하기 위하여 결핵균 유전형 검사를 하고 있다.

**② 새로이 알게 된 내용은?**

충청권 사업장 내 결핵균 전파를 확인하기 위해 지표환자와 추가환자들의 배양 양성 균주를 질병관리청 세균분석과에 의뢰하였고, 지표환자와 추가환자 1, 2의 유전형은 모두 일치하여 해당 사례는 집단 내 전파사례로 확인되었다.

**③ 시사점은?**

해당 사업장에서 발생한 결핵환자 3명 모두 결핵균 유전형 분석 결과가 일치한 특이적 집단사례로 파악되는데, 이는 지표환자의 강한 전염성과 주기적인 환기 미실시 및 차광 등의 환경적 특성이 결핵균 전파에 영향을 주었을 것으로 생각된다. 이를 통해 결핵 전파 차단을 위해서는 채광과 환기 등의 환경적인 요소의 관리도 중요함을 시사한다.

**조사와 결과****1. 접촉자 조사****1) 결핵환자 및 가족접촉자 조사**

지표환자는 건강검진으로 시행한 흉부 X선 검사 결과 결핵 의심, 흉부 computed tomography (CT) 검사 결과 결핵 의심, 객담(가래) 검사 결과 도말 양성(4+), TB-PCR 양성으로 폐결핵 진단 받고 2021년 12월부터 4제 표준 치료(isoniazid [H], rifampin [R], ethambutol [E], and pyrazinamide [Z], HREZ)를 시작하여 2022년 9월 치료 완료하였다.

지표환자의 배우자와 자녀 1명(9세)을 대상으로 가족 접촉자 검진을 실시하였고, 추가환자는 없었으며, 배우자는 잠복결핵감염 양성으로 확인되어 잠복결핵감염 치료(4R)를 완

료하였다.

**2) 현장 역학조사**

2021년 12월 질병보건통합관리시스템을 통해 A사업장에서 활동성 결핵환자가 신고되었고, 신고 내용을 바탕으로 역학조사 시행 여부를 결정하였다. 2022년 1월 질병관리청 충청권질병대응센터 역학조사반원과 관할 보건소 결핵 담당자가 해당 사업장을 방문하여 현장 역학조사를 실시하였다.

A사업장은 총 2층 건물이나 1층만 사무실로 사용 중으로 약 80~90평 규모의 공간에 칸막이로 구분된 공간에서 6개팀(총 31명)이 근무하였다. 지표환자는 B팀 팀장으로 팀 업무를 총괄하며 주 5일 상근직(09:00~18:00)으로 근무 공간 이동 없이 업무하였다. 주 1회 팀장 회의에 참석하였고, 사무실 내 별도 회의실에서 총 7명(기관장 1명과 각 부서 팀장 6명)이 참석하며, 1회당 30분에서 1시간 가량 회의하였다.

지표환자는 객담(가래) 도말검사 결과 양성(4+)으로 결핵균 분출이 많아 전염성이 높고, 간간이 기침, 가래 증상이 있었으나 흡연자로 경과 관찰하였다고 추가 진술하였다[4]. 해당 사업장은 총 벽면의 1/4이 창문이었으나 블라인드가 상시 내려져 있었으며, 전염성 추정 기간 내 겨울철로 자주 환기하기 어려웠던 것으로 조사되었다.

**3) 사업장 접촉자 조사**

결핵 접촉자에 대해서는 추가 결핵환자 확인을 위한 흉부 X선 검사와 잠복결핵감염자 확인을 위한 인터페론감마 분비 검사(interferon gamma releasing assay, IGRA)를 실시하였다. 지표환자의 전염성 추정 기간은 건강검진으로 시행한 흉부 X선 검사일 기준<sup>1)</sup>으로 3개월 이전인 2021년 8월 21일부터 마지막 출근일인 2022년 1월 13일(21주)까지이며, 환자의 특성 및 접촉 시간, 접촉 형태, 공간 특성 등을 고려하여 총 34명을 접촉자로 선정하였다. 지표환자와 지속적인 접촉이 이루

1) 지표환자는 간간이 기침, 가래 증상 있었으나 흡연자로 증상 시작일 불분명하여 건강검진일을 기준으로 전염성 추정 기간을 산정

어지는 동일 사무실 근무 직원 총 33명을 밀접 접촉자로 선정하고, 이 중 31명은 흉부 X선 검사 2회와 연속 잠복결핵감염 검사를 실시하였고, 2명(인사 이동자, 휴직자)은 마지막 접촉 일로부터 8주가 경과하여 흉부 X선 검사 및 초회 잠복결핵감염 검사를 실시하였다. 지표환자가 주 1회 참석한 팀장 회의 참석자 중 기관장은 별도 사무실에서 근무하며 팀장 회의에만 참석하였으므로 일상 접촉자로 분류하여 흉부 X선 검사를 2회 실시하였다.

#### 4) 결핵균 유전형 검사

결핵균 유전형 검사의 분석은 결핵균(*Mycobacterium tuberculosis*)의 유전 물질을 분석하는 데 사용되는 실험실 기반 접근 방식이다. 결핵 집단 발병 사전 인지 및 확산 차단과 감염원 확인 추적에 필요한 데이터를 축적하고, 결핵 역학조사와 관련해서는 결핵 전파 경로 및 집단 발생 사례를 파악하기 위하여 실시한다[3,5]. 지표환자와 추가환자 1 및 2의 결핵균

주에 대한 유전형 검사를 실시하였다.

## 2. 결과

### 1) 1차 접촉자 조사 결과

2022년 1월, 전체 접촉자 34명을 대상으로 흉부 X선(초회) 검사를 시행하였고, 검사 결과 특이소견 없었다. 밀접접촉자 33명을 대상으로 초회 잠복결핵감염 검사를 실시하였고 11명(33.3%)이 잠복결핵감염으로 진단되었다.

1차 접촉자 조사 중 밀접접촉자 중 1명이 추가환자로 신고되었다. 추가환자 1은 건강검진으로 시행한 흉부 CT 결과 결핵 의심, 객담(가래) 검사 결과 도말 음성, TB-PCR 음성 확인되었으나 주치의 판단하에 도말 음성 폐결핵 진단 및 4제 표준 치료(HREZ)를 시작하였다. 추가환자 1은 지표환자와 동일한 B팀 소속 직원으로 접촉자 검진 결과 흉부 X선 정상, 잠복결핵감염 양성이었으나 결핵 약제 부작용 발생을 우려하여 치료를 거부한 상태였다.

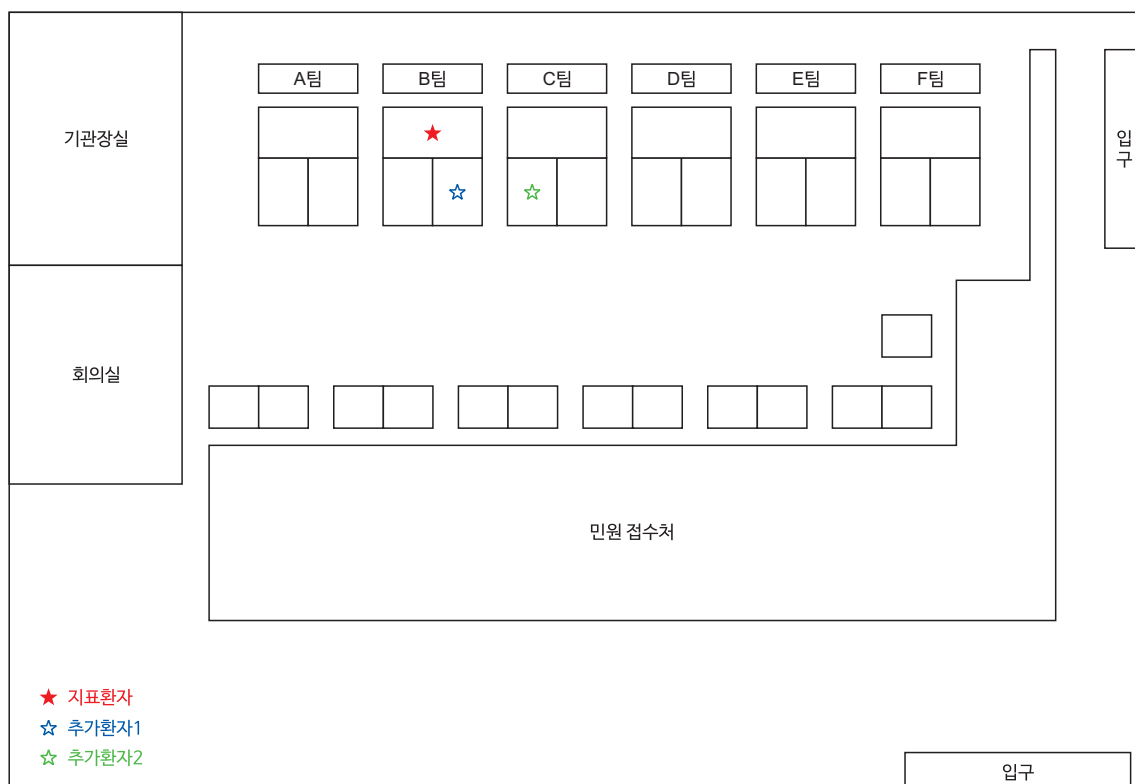


그림 1. 사업장 좌석배치도

추가환자 1 발생에 따라 추가 역학조사를 실시하였고, 기관 전체 직원이 1차 역학조사의 접촉자 조사 범위에 포함되어 추가 접촉자는 없었다. 기존 접촉자 34명은 추후 6개월 시점에 흉부 X선 검사를 진행하였고, 2차에 걸친 추적검사에서 추가환자는 없었다.

## 2) 2차 접촉자 조사 결과

2023년 1월 A사업장에서 활동성 결핵환자가 추가로 신고되었다. 추가환자 2는 2022년 8월 기침 증상으로 시행한 흉부 CT 검사 결과 이상소견으로, A병원 내원 후 폐렴 치료받았으나 증상 호전 없어, 2023년 1월 B병원으로 전원 후 실시한 흉부 X선 검사 결과 불명, 객담(가래) 검사 결과 도말 양성

(4+), Xpert MTB/RIF 양성/R감수성이 확인되어 폐결핵 진단 및 4제 표준 치료(HREZ)를 시작하였다.

추가환자 2의 발생에 따라 A사업장에서 2차 현장 역학조사를 실시하였다. 추가환자 2는 C팀 소속 직원으로 지표환자와 다른 팀에 근무하고 있었으나, 사무실 내 지표환자와 반경 1 미터 이내의 매우 근접한 자리에서 근무하였음을 확인하였다(그림 1). 또한, 추가환자 2는 지표환자의 밀접접촉자로 접촉자 검진 결과 흉부 X선 정상, 잠복결핵감염 양성이었으나 결핵 약제 부작용 발생을 우려하여 치료를 거부한 상태였다. 2023년 1월 접촉자 총 38명을 대상으로 흉부 X선 검사를 시행하였고, 검사 결과 추가환자는 없었다. 해당 기관은 장기간 전염성이 높은 결핵환자에게 노출된 이력이 있으므로 일상접

표 1. 접촉자 조사 결과

구분	접촉자	결핵환자	잠복결핵감염 검사	잠복결핵감염
합계 <sup>a)</sup>	50 (100.0)	2 (100.0)	46 (100.0)	13 (28.3)
1차 조사 <sup>b)</sup>				
밀접	31 (91.2)	2 (100.0)	30 (90.9)	10 (90.9)
일상	3 (8.8)	0 (0.0)	3 (9.1)	1 (9.1)
합계	34 (100.0)	2 (100.0)	33 (100.0)	11 (100.0)
2차 조사				
밀접	26 (89.7)	0 (0.0)	25 (89.3)	1 (50.0)
일상	3 (10.3)	0 (0.0)	3 (10.7)	1 (50.0)
합계	29 (100.0)	0 (0.0)	28 (100.0)	2 (100.0)

단위: 명(%). <sup>a)</sup>합계: 흉부 X선(중복접촉자 22명), 잠복결핵감염 검사(중복접촉자 24명) 제외. <sup>b)</sup>1차 조사: 접촉자 동일하여 확대 조사 미실시.

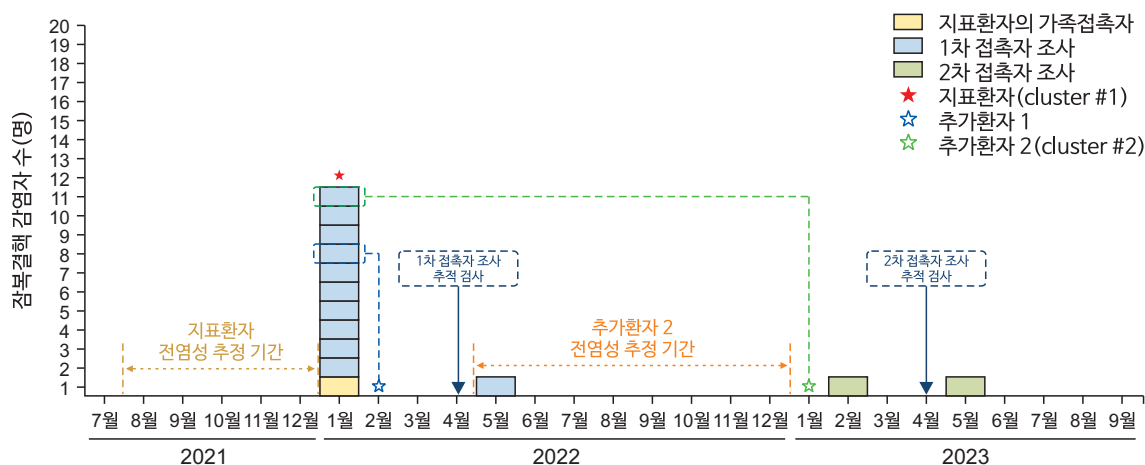


그림 2. 사업장에서 발생한 결핵 역학곡선



촉자에게도 잠복결핵감염검사를 시행하였는데, 잠복결핵감염 검사 대상자 29명 중 2명(6.9%)이 잠복결핵감염으로 진단되었다.

### 3) 최종 접촉자 조사 결과

전체 접촉자 총 50명을 대상으로 흉부 X선 검사를 실시하여 2명(4.0%)의 추가 결핵환자가 발견되었다. 잠복결핵감염 검사는 접촉자 총 50명 중 과거 결핵 및 잠복결핵감염으로 진단되었던 4명을 제외한 46명을 대상으로 검사를 시행하였으며, 13명(28.2%)이 양성으로 확인되었다. 이 중 8명이 잠복결핵감염 치료를 시작하여 완료하였으며, 나머지 5명은 치료를 거부하였다(표 1, 그림 2).

### 4) 결핵균 유전형 검사결과

A사업장 내 결핵균 전파를 확인하기 위해 지표환자와 추가환자 1의 배양 양성 균주를 질병관리청 세균분석과에 검사 의뢰하였고, 지표환자와 추가환자 1의 유전형은 TBG0381로 일치하여, 해당 사례는 집단 내 전파사례로 확인되었다. 12개월 뒤 추가환자 2의 배양 양성 균주를 지표환자와 결핵균 유전형 비교 의뢰하였고, 지표환자와 추가환자 1 그리고 추가환자 2의 유전형은 TBG0381로 세 명 모두 일치하여, 추가환자 2까지 집단 내 전파사례로 확인되었다(그림 3).

## 공중보건 대응

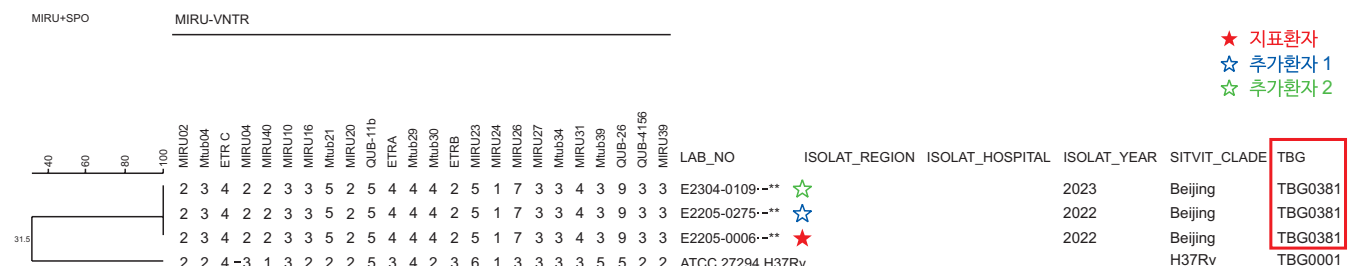
신고된 결핵환자를 대상으로 현장 역학조사를 실시하였고, 추가환자 발생에 따라 역학조사를 확대 실시하였다. 이에 1차 접촉자 조사 시 잠복결핵감염 검사 음성자에 대해 2차 접촉자 조사 시 잠복결핵 감염 검사를 추가로 실시하였으며, 잠복결핵감염 치료 거부자를 대상으로 철저한 추적관리를 해당 지자체에 요청하였다. 해당 지자체에서는 잠복결핵감염 치료 거부자에 대한 추적검사를 실시하였다.

또한, 해당 사례를 권역 내 결핵 담당자 교육을 통해 유사 사례 발생 시 활용할 수 있도록 하였고, 집단시설 내 결핵 전파 예방을 위해서는 잠복결핵감염 치료의 중요성에 대한 자료로 활용하여 치료를 적극적으로 유도할 수 있도록 권역 내 결핵 담당자에게 공유하였다.

해당 사례는 사업장 내 결핵환자 발생 시, 추가환자 발생 위험이 있으므로 결핵환자에게 노출된 후 잠복결핵양성의 경우 잠복결핵치료를 강화하고, 지역사회 내에서도 사업장 내 결핵환자 발생 시 추가환자 발생에 대한 모니터링을 강화하는 계기가 되었다.

## 결론

본 사례는 사업장에서 결핵환자 발생 이후 추가로 발생된 사례를 역학조사와 유전형 분석을 통해 직장 내 전파사례로 확인한 사례이다.



**그림 3.** 결핵균 유전형 검사 결과(MIRU-VNTR) 지표환자와 추가환자 1 및 2의 결핵균 유전형 TBG0381로 일치 확인  
MIRU-VNTR=mycobacterial interspersed repetitive unit-variable number tandem repeat.



결핵 역학조사를 통해 집단시설 내 추가 결핵환자를 조기에 발견하여 결핵 전파를 차단하고, 잠복결핵감염자를 찾아 치료를 실시하여 결핵 발병을 예방하는 것은 결핵 관련 주요 국가정책 중 하나이다.

2022년 결핵 신환자는 16,264명(인구 10만 명당 31.7명)이고 집단시설 역학조사 접촉자 72,824명 중 추가 결핵환자 89명(접촉자 10만명 당 122.2명)으로 일반 인구에 비해 결핵 발병 위험이 3.9배 높아 철저한 접촉자 관리가 필요하다[6].

본 사례는 2차에 걸친 접촉자 조사를 통해 이차유병률(secondary attack rate)은 4% (2/50)로 파악되었으며, 총 접촉자 50명 중 추가 결핵환자가 2명이 발생한 사례로 집단시설 역학조사 추가 결핵환자 발병률은 접촉자 10만 명당 4,000명으로 2022년 추가 결핵환자 발병률(접촉자 10만 명당 122.2명) 보다 32.7배 높게 확인되었다. 해당 사업장에서 발생한 결핵환자 3명 모두 결핵균 유전형 분석 결과가 일치한 특이적 집단사례로 파악되는데, 이는 지표환자가 전염성 강한 결핵임을 시사한다. 지표환자는 흡연자로 간간히 기침, 가래 증상이 있어 경과 관찰하였는데, 그 결과 객담(가래) 도말검사 결과 양성(4+)의 전염성 강한 결핵으로 이환되었다. 2주 이상 기침 증상이 지속된다면 결핵인지 의심해 보고 결핵 검진을 실시해야 한다.

또한, 해당 사업장의 공간적 특성도 영향을 미쳤을 것으로 생각된다. 해당 사업장의 환경적 문제점은 약 80-90평 정도의 넓은 공간이나 업무 공간이 한쪽으로 치우쳐져 있어 직원 간 근무 공간이 반경 1 미터 이내로 가까웠으며, 지표환자의 전염성 추정 기간(2021년 8월부터 2022년 1월까지)에는 블라인드가 상시 내려져 있었고, 환기를 자주 하지 않은 것으로 조사되었다. 지표환자의 강한 전염성과 주기적인 환기 미실시 및 차광 등의 공간적 특성이 결핵균 전파에 영향을 주었을 것으로 생각된다. 이를 통해 결핵 전파 차단을 위해서는 채광과 환기 등의 환경적인 요소의 관리도 중요함을 시사한다. 공기

중으로 배출되는 비말핵의 크기는 2-10  $\mu\text{m}$  정도이며, 5  $\mu\text{m}$  이하의 에어로졸은 공기 중 장시간 부유하여 10 미터 이상 확산이 가능하므로 공기감염 예방을 위해서는 환기가 필수적이다[7].

더불어 해당 사업장의 잠복결핵감염률은 28.3%로 2022년 사업장의 잠복결핵감염률(24.2%) 보다 높아 해당 사업장에 대한 추적관리가 필요하다[8]. 이 사례에서 추가환자 1과 2는 지표환자의 밀접접촉자로 접촉자 조사 시 잠복결핵감염자로 진단받았으나 항결핵제 부작용을 우려하여 치료를 거부한 후 12개월 이내에 결핵으로 이환된 사례이다. 활동성 결핵 환자와 접촉한 후 잠복결핵감염으로 진단받은 접촉자는 결핵 발병의 위험이 높고, 잠복결핵감염 미 치료자는 치료 완료자 대비 활동성 결핵 발병 위험이 5.7배 높다[9]. 위 사례를 통해 최근 결핵환자와 접촉한 접촉자에 대해서 보다 적극적인 잠복결핵감염 치료가 필요하다. 또한, 잠복결핵감염 치료를 거부하거나 중단한 경우에도 철저한 추적관리를 해야 하며, 잠복결핵감염 치료율을 높이기 위해서 인식개선 등의 대국민 홍보 노력이 필요하다.

## 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: YHL. Data curation: YHL. Formal analysis: YHL. Investigation: YHL. Project administration: YHL. Supervision: YAK. Validation: YHL. Visualization: YHL. Writing – original draft: YHL. Writing – review & editing: YHL, DHS, ARK, TEK, YAK.

## References

1. World Health Organization (WHO). Global tuberculosis report 2023. WHO; 2023.
2. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Annual report on the notified tuberculosis in Korea, 2022. KDCA; 2023.
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2023 Korea tuberculosis management guidelines. KDCA; 2022.
4. The Korean Academy of Tuberculosis Respiratory Diseases (KATRD); Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Korean guidelines for tuberculosis. 5th ed. KATRD; KDCA; 2024.
5. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). TB genotyping [Internet]. CDC; 2021 [cited 2024 Mar 7]. Available from: <https://www.cdc.gov/tb/programs/genotyping/default.htm>
6. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2022 Annual report on the tuberculosis epidemiological investigation in Korea. KDCA; 2023.
7. Korean Society for Healthcare-associated Infection Control. Healthcare associated infection and prevention. Korean Society for Healthcare-associated Infection.
8. Han S, Park Y, Kim J, Lee H, Choi H. Results of the tuberculosis epidemiological investigation in congregated settings, 2022. Public Health Wkly Rep 2023;16:950-64.
9. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Press release. Korea COVID-19 update (14 April 2021) [Internet]. KDCA; 2021 [cited 2024 Mar 7]. Available from: [https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list\\_no=713027&cg\\_code=C01&act=view&nPage=5&newsField=202104](https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list_no=713027&cg_code=C01&act=view&nPage=5&newsField=202104)

# Result of Tuberculosis Epidemiological Investigation in a Workplace

Yoon-Hee Lee, Da-Heen Son, A-Ra Ko, Tae-Eun Kim, Yuna Kim\*

Division of Infectious Disease Response, Chungcheong Regional Center for Disease Control and Prevention, Korea Disease Control and Prevention Agency, Daejeon, Korea

## ABSTRACT

Tuberculosis (TB) is an airborne infectious disease caused by *Mycobacterium tuberculosis*. TB is transmitted upon expulsion of the TB bacteria into air through coughing and sneezing, potentially infecting people nearby. Whenever TB cases are reported in a group facility, epidemiological investigations targeting individuals in close contact of the patient are conducted. This field report describes the epidemiological investigation of a tuberculosis outbreak that occurred at a workplace in the Chungcheong region. We analyzed the epidemiological characteristics of patients with tuberculosis, including latent infections, and genotyped patient specimens. Two additional tuberculosis cases within the same workplace were identified and confirmed to be caused by the same type of bacteria through genotypic analysis, indicating transmission within the group. Through this investigation, we reiterate the importance of early response and environmental management in tuberculosis prevention and control in workplace settings.

**Key words:** Tuberculosis; Epidemiological investigation; Contact tracing; Workplace; Genotype

\*Corresponding author: Yuna Kim, Tel: +82-42-220-1520, E-mail: yunaghim@korea.kr

## Introduction

Tuberculosis (TB) is an airborne infectious disease caused by *Mycobacterium tuberculosis* (M. tb). The incidence of TB in the Republic of Korea (ROK) has continued to decrease from 39,557 in 2011 to 16,264 in 2022 (31.7 per 100,000 population); however, the incidence rate of TB is the second highest among the Organization for Economic Co-operation and Development (OECD) member countries, which calls for active management [1,2]. When TB is detected in a group setting (such as business or social welfare facility), an epidemiological investigation is conducted on all the individuals in the

group. This prevents further development of TB by identifying additional patients, halting the spread of TB, and detecting latent TB infections [3]. This outbreak report is based on an index patient reported with TB in the Chungcheong area in December 2021, wherein the patient was both sputum smear (4+) and TB-polymerase chain reaction (PCR) positive. This resulted in an epidemiological investigation on affiliated workplace A in accordance with the National Tuberculosis Control Guidelines in the ROK.

## Key messages

### ① What is known previously?

Tuberculosis (TB), caused by *Mycobacterium tuberculosis*, is an airborne infectious disease. When patients with tuberculosis are identified in group facilities, epidemiological investigations, including genetic testing for tuberculosis bacteria, are conducted on individuals living in the same space as the patients to identify the route of tuberculosis transmission.

### ② What new information is presented?

To confirm the transmission of tuberculosis bacteria at the workplace in the Chungcheong region, positive strains of index patients and additional patients 1 and 2 were sent to the Korea Disease Control and Prevention Agency for bacterial analysis. The tuberculosis bacteria in the index patient and patients 1 and 2 were found to be genetically identical, confirming that these cases were caused due to transmission within the group.

### ③ What are implications?

Genetic analysis results revealed all three tuberculosis patients in this workplace to be infected with genetically identical tuberculosis bacteria indicating a unique group case likely influenced by the strong infectivity of the index patient and environmental factors, such as lack of regular ventilation and shade. This underscores the importance of managing environmental factors such as lighting and ventilation to prevent tuberculosis transmission.

subsequently received a 4-drug standard treatment (isoniazid [H], rifampin [R], thambutol [E], and pyrazinamide [Z], HREZ), which began in December 2021 and was completed in September 2022.

Family contact screening was performed on the patient's spouse and child, who was 9 years old, which showed that there were no additional patients. However, the spouse was positive for latent TB infection and completed the treatment regimen (4R).

## 2) On-site epidemiological investigation

In December 2021, a patient with active TB was reported at workplace A through the integrated disease and health management system, and the decision was made to conduct an epidemiological investigation based on the incident report. In January 2022, members of the epidemiological investigation team from the Chungcheong Regional Center for Disease Control and Prevention of the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) and TB response personnel from the local public health center visited the business site and conducted an investigation.

The workplace A is a two-story building, but only the first floor was used as an office. Six teams (31 people in total) worked in a space of approximately 80–90 pyeong (approximately 264–298 square meters), which was divided by partitions. The index patient was the team leader of Team B and worked full time (9:00–18:00), 5 days a week, without changing the workplace. The patient attended a team leader meeting once a week, which was held in a separate conference room with a total of 7 people (1 director and 6 team leaders from each department), and each meeting lasted from 30 minutes to 1 hour.

## Investigation and Results

### 1. Contact Investigation

#### 1) Contact information of the patient and family

The index patient was suspected of having pulmonary TB after a chest X-ray and computed tomography (CT) scan showed possible signs, and positive smear (4+) and TB-PCR tests ultimately confirmed the diagnosis. The patient

The patient's sputum smear test was positive (4+) and that they were highly contagious due to the high number of TB bacteria [4]. The patient additionally stated that symptoms of occasional coughing and phlegm were monitored at the time as the patient was a smoker. A quarter of the walls at the business in question had windows, but the blinds were always down, making it difficult to frequently ventilate the office during the winter months of the presumed period of infection.

### 3) Workplace contact investigation

Chest X-rays were taken of those who had been in contact with the patient to identify additional cases of TB, and interferon gamma releasing assay (IGRA) was performed to detect latent infection. The patient had exhibited symptoms of intermittent cough and phlegm but because of their history of smoking, the date of onset of the TB infection was unclear. Therefore, the estimated period of infection was determined to be from August 21, 2021, 3 months before the chest X-ray was taken, to January 13, 2022, the patient's last day of work (a total of 21 weeks).

A total of 34 people were considered contacts based on patient characteristics, contact duration and method, and spatial characteristics. Thirty-three employees who worked in the same office and had been in continuous contact with the index patient were considered close contacts. Of them, 31 received two chest X-rays and serial latent TB infection tests while the remaining two (one transferred departments and one was on a leave of absence) underwent a chest X-ray and initial latent TB infection test 8 weeks after the last contact. Among the attendees of the team leader's meeting, the director worked in a separate office and only attended the meetings; therefore, they were classified as a casual contact and two chest X-rays were taken.

### 4) M. tb genotyping

Molecular genotyping is a laboratory-based approach for analyzing the genetic material of M. tb. It is used for the preliminary recognition and prevention of TB outbreaks and to trace the sources of infection as it helps identify TB transmission routes and clusters of cases [3,5]. For this report, we genotyped TB strains from the index patient as well as from additional patients 1 and 2.

## 2. Findings

### 1) Initial contact investigation findings

In January 2022, all the 34 contacts were screened with chest X-rays (initial round), which showed no abnormal findings. An initial latent TB infection test was conducted on the 33 close contacts, of whom 11 (33.3%) were positive.

During the initial contact investigation, one of the close contacts was reported as an additional TB patient. Additional patient 1 was suspected of having TB based on a chest CT scan, but they had negative sputum smear and TB-PCR results. This patient was ultimately diagnosed with smear-negative pulmonary TB and was started on the HREZ treatment at the discretion of the attending physician. A member of the same team as the index patient (Team B), additional patient 1 initially had a normal chest X-ray but was positive for latent TB infection on contact screening. However, treatment was refused by the patient due to concerns regarding the side effects of antitubercular medications.

Further investigation was conducted following the discovery of additional patient 1, but there were no more contacts because all the employees present were included in the initial investigation. Chest X-rays were performed during the 6-month follow-up (second round) appointment for the 34 original

contacts, which showed no additional patients.

## 2) Second contact investigation findings

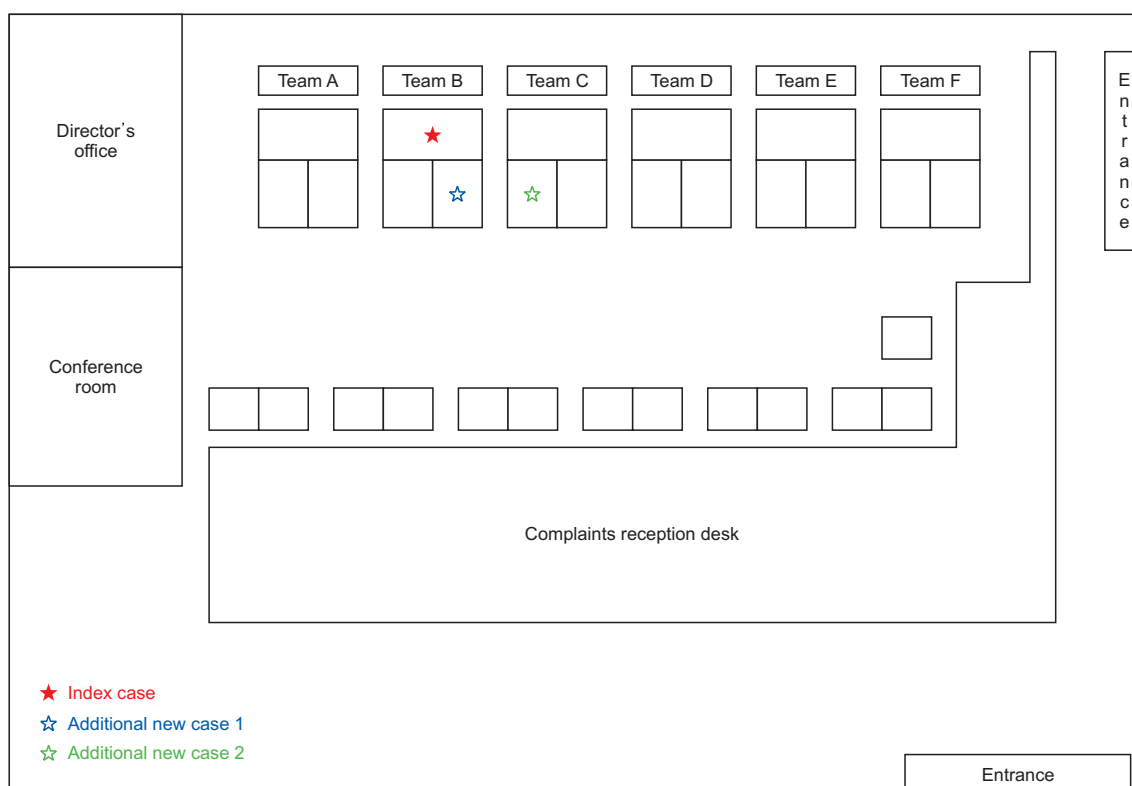
In January 2023, another active case of TB was reported at workplace A. Additional patient 2 was treated for pneumonia after a visit to Hospital A for a cough on August 2022 and chest CT showed abnormal results; however, the symptoms did not improve. The patient was later transferred to Hospital B in January 2023, where chest X-ray showed unclear results, but they were sputum smear positive (4+) and Xpert MTB/resistance to rifampin (RIF) positive/R sensitive. The patient was diagnosed with pulmonary TB and was started on HREZ treatment.

This warranted a second on-site investigation at workplace A. This particular patient was a member of Team C but was found to be working in close proximity (within a radius of 1

m) to the index patient (Figure 1). The patient had a normal chest X-ray but was positive for latent TB infection on contact screening. However, treatment was refused by the patient due to concerns regarding the side effects of antitubercular medications. In January 2023, a total of 38 contacts were screened with chest X-rays but no additional patients were identified. Since the concerned business has a long history of exposure to highly contagious TB patients, 29 casual contacts were also tested for latent TB infection, among whom 2 (6.9%) were diagnosed with the infection.

## 3) Final contact investigation findings

A total of 50 contacts were screened with chest X-rays and 2 additional cases (4.0%) were detected. Latent TB infection tests were performed on 46 of the 50 contacts (4 were excluded because they were previously diagnosed with TB and latent



**Figure 1.** Seating arrangement diagram

TB infection). Of the 46 contacts, 13 (28.2%) were confirmed positive. Eight of the 13 underwent complete treatment for latent TB infection, while the remaining 5 refused treatment (Table 1, Figure 2).

#### 4) M. tb genotype test results

To examine the transmission of M. tb at workplace A, culture-positive strains from the index patient and additional patient 1 were submitted to the KDCA's Division of Bacterial

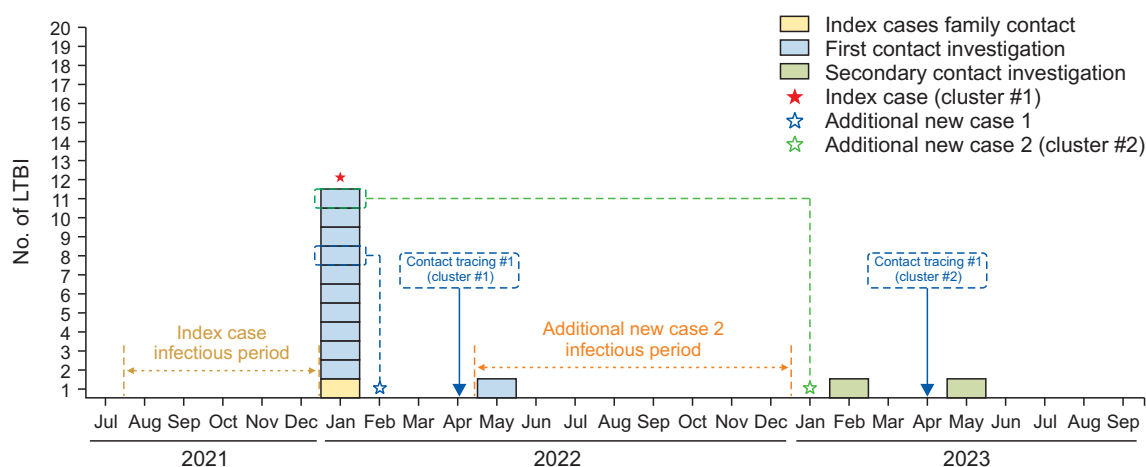
Diseases. The genotypes of both patients were consistent with TBG0381, confirming the case as a group transmission case. Twelve months later, a culture-positive strain from additional patient 2 was sent for M. tb genotyping along with that from the index case. The genotypes of the index patient, additional patient 1, and additional patient 2 were all consistent with TBG0381, confirming that additional patient 2 was also a group transmission case (Figure 3).

**Table 1.** Results of contact investigation

Category	Contacts	TB cases	LTBI tested	LTBI
Total <sup>a)</sup>	50 (100.0)	2 (100.0)	46 (100.0)	13 (28.3)
1st investigation <sup>b)</sup>				
Close contacts	31 (91.2)	2 (100.0)	30 (90.9)	10 (90.9)
Usual contacts	3 (8.8)	0 (0.0)	3 (9.1)	1 (9.1)
Total	34 (100.0)	2 (100.0)	33 (100.0)	11 (100.0)
2nd investigation				
Close contacts	26 (89.7)	0 (0.0)	25 (89.3)	1 (50.0)
Usual contacts	3 (10.3)	0 (0.0)	3 (10.7)	1 (50.0)
Total	29 (100.0)	0 (0.0)	28 (100.0)	2 (100.0)

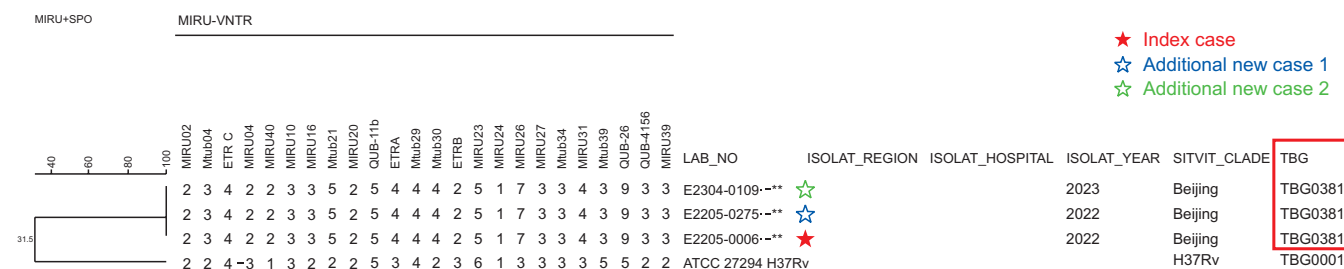
Unit: n (%). <sup>a</sup>Total: excluding chest X-rays (22 duplicate contacts) and LTBI tests (24 duplicate contacts). <sup>b</sup>1st investigation: no further investigation due do same contacts.

TB=tuberculosis; LTBI=latent tuberculosis infection.



**Figure 2.** Epidemic curve of a *Mycobacterium tuberculosis* outbreak at a workplace in the Republic of Korea  
LTBI=latent tuberculosis infection.





**Figure 3.** Analysis of Tuberculosis strains related to A workplace (MIRU-VNTR): confirmation of *Mycobacterium tuberculosis* genotype TBG0381 match in index case and additional new cases 1 and 2  
MIRU-VNTR=mycobacterial interspersed repetitive unit-variable number tandem repeat.

## Public Health Response

On-site epidemiologic investigations were conducted following the initially reported TB case and expanded upon as additional cases were identified. For those who tested negative for latent TB infection during the primary contact investigation, additional tests for latent TB infection were performed during the second contact investigation. Local governments also thoroughly followed up on those who refused treatment for latent TB infection.

In addition, the findings of the investigation were shared with the district TB coordinators for training in the event of a similar situation and to be used as a resource for promoting the importance of treating latent TB infection to prevent transmission in congregate settings.

This served as an opportunity to enhance latent TB treatment for positive cases after exposure to a patient with TB, as there is a risk of additional cases erupting in the workplace. It also strengthened the surveillance for additional cases in the community in the event of a TB case in the workplace.

## Conclusion

This report shows that additional cases of TB that occurred

after the detection of the first patient at a specified business site were confirmed to be cases of workplace transmission, through epidemiological investigation and genotyping.

Preventing TB outbreaks by early detection of additional TB cases in congregate settings through epidemiologic surveillance, and identifying and treating latent cases are key national policies for TB.

In 2022, there were 16,264 new TB cases (31.7 per 100,000 population) and 89 additional cases (122.2 per 100,000 contacts) among 72,824 group facility contacts, representing a 3.9-fold increased risk of developing TB compared to the general population. Thus, thorough contact management is necessary [6].

The case discussed in our study had a secondary attack rate of 4% (2/50), with two additional TB cases out of a total of 50 contacts. The incidence rate of additional TB cases in the epidemiological investigation of the group facility was 4,000 per 100,000 contacts, which is 32.7 times higher than the incidence rate of additional TB cases in 2022 (122.2 per 100,000 contacts). All the three TB patients at workplace A were identified as outlier cases with consistent *M. tb* genotyping results, suggesting that the index patient had highly contagious TB. The index patient was monitored for intermittent cough and phlegm (because the patient had a smoking history) and was

ultimately diagnosed with a highly infectious TB with positive (4+) sputum smear. TB should be suspected and a TB test should be performed if a cough persists for more than 2 weeks.

We also suspect that the spatial characteristics of the business site may have played a role. Although the business site was a large space of approximately 80–90 pyeong, the workspace was oriented to one side such that the employees were within a radius of 1 m of each other. Moreover, the blinds were always down during the estimated contagious period of the index patient (August 2021 to January 2022), and ventilation was infrequent. The high level of contagiousness of the index patient and the spatial characteristics, lack of regular ventilation, and use of blinds in particular, are thought to have caused the spread of *M. tb*. This suggests that managing environmental factors such as lighting and ventilation is also important to prevent TB transmission. Ventilation is essential to prevent airborne infections because aerosols smaller than 5  $\mu\text{m}$  can remain suspended in the air for a long time and spread over 10 m; the size of TB respiratory droplets released into the air ranges from 2 to 10  $\mu\text{m}$  [7].

In addition, the latent TB infection rate in the workplace was 28.3%, which is higher than the rate reported in 2022 (24.2%); therefore, it is necessary to closely monitor individuals in the workplace [8]. In this investigation, additional patients 1 and 2 were close contacts of the index patient and were diagnosed with latent TB infection during contact investigation. However, both refused treatment due to concerns regarding the side effects of antitubercular medications and subsequently developed TB over the next 12 months. Individuals diagnosed with latent TB infection after contact with an active TB patient are at an increased risk of developing TB, and those with untreated latent TB infection are 5.7 times more at risk of

developing active TB compared to those who complete treatment [9]. Our findings illustrate the need for more aggressive treatment of latent TB infection in those who have had recent contact with a patient with TB. Furthermore, patients who refuse or discontinue treatment for latent TB infection should be followed up thoroughly, and public efforts such as raising awareness are needed to increase the treatment rate for latent TB infection.

## 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: YHL. Data curation: YHL. Formal analysis: YHL. Investigation: YHL. Project administration: YHL. Supervision: YAK. Validation: YHL. Visualization: YHL. Writing – original draft: YHL. Writing – review & editing: YHL, DHS, ARK, TEK, YAK.

## References

1. World Health Organization (WHO). Global tuberculosis report 2023. WHO; 2023.
2. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Annual report on the notified tuberculosis in Korea, 2022. KDCA; 2023.
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2023 Korea tuberculosis management guidelines. KDCA; 2022.
4. The Korean Academy of Tuberculosis Respiratory Diseases (KATRD); Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Korean guidelines for tuberculosis. 5th ed.

- KATRD; KDCA; 2024.
5. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). TB genotyping [Internet]. CDC; 2021 [cited 2024 Mar 7]. Available from: <https://www.cdc.gov/tb/programs/genotyping/default.htm>
6. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2022 Annual report on the tuberculosis epidemiological investigation in Korea. KDCA; 2023.
7. Korean Society for Healthcare-associated Infection Control. Healthcare associated infection and prevention. Korean Society for Healthcare-associated Infection.
8. Han S, Park Y, Kim J, Lee H, Choi H. Results of the tuberculosis epidemiological investigation in congregated settings, 2022. *Public Health Wkly Rep* 2023;16:950-64.
9. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Press release. Korea COVID-19 update (14 April 2021) [Internet]. KDCA; 2021 [cited 2024 Mar 7]. Available from: [https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list\\_no=713027&cg\\_code=C01&act=view&nPage=5&newsField=202104](https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list_no=713027&cg_code=C01&act=view&nPage=5&newsField=202104)

# 지역사회 아동·청소년 비만 예방관리사업 역량강화를 위한 정책 제언

박수진<sup>1</sup>, 정소정<sup>2,3</sup>, 정효선<sup>1</sup>, 노영민<sup>1</sup>, 강은구<sup>4</sup>, 홍용희<sup>5\*</sup>

<sup>1</sup>경기도공공보건복지지원단 공공의료정책팀, <sup>2</sup>건국대학교 의과대학 소아청소년과, <sup>3</sup>건국대학교병원 소아청소년과, <sup>4</sup>고려대학교 의과대학 고려대학교안산병원 소아청소년과, <sup>5</sup>순천향대학교 의과대학 순천향대부속부천병원 소아청소년과

## 초 록

아동·청소년 비만은 세계적으로 심각한 공중보건상 문제이며 성인 비만의 증가, 건강 수명의 감소, 의료비 증가 등의 사회문제를 야기한다. 따라서 국가 차원의 정책 개입, 증재, 예방 및 적극적 관리가 필요한 영역이나 현재 아동·청소년 비만 예방 프로그램은 한시적, 분절적, 중복적으로 운영되고 있어 거버넌스 차원의 효율적인 체계 마련이 절실하다. 본 연구에서는 다양한 측면에서 아동·청소년 비만 예방 및 관리사업의 현황 및 문제점을 파악하였다. 이를 위해 아동·청소년 비만 예방 및 관리사업에 참여하고 있는 사업 제공 실무자 및 관리자와 전문가를 대상으로 설문조사 및 심층 인터뷰를 실시하였으며, 이를 바탕으로 아동·청소년 대상 비만 예방관리사업 활성화를 위한 정책 방향을 제시하고자 하였다.

**주요 검색어:** 아동; 청소년; 비만; 증재; 지역사회

## 서 론

최근 아동·청소년 비만율의 증가는 전 세계적으로 가장 심각한 공중보건상 문제 중 하나로 코로나바이러스감염증-19 대유행 이후 아동·청소년의 2단계 이상 비만 역시 급격하게 증가함에 따라 비만의 관리는 단순히 건강의 유지 문제를 넘어서 연쇄적으로 발생할 수 있는 사회경제적 문제를 예방하기 위한 중요한 요인으로 인식되고 있다[1]. 아동·청소년 비만에 영향을 미치는 요인은 교육 및 가정환경을 바탕으로 상당히 복합적으로 작용되며 음식물의 섭취나 신체활동의 유도가

본인의 의지만으로 선택할 수 있는 영역이 아니라는 점에서 적극적인 사회적 증재가 필요한 영역이다[2]. 특히 아동·청소년기의 비만은 높은 확률로 비만한 성인으로 이어지며 청소년기에 당뇨병, 고혈압, 이상지질혈증 및 비알코올지방간질환 등의 만성질환을 동반하는 원인이 되므로 개인의 긴 생애주기 동안 고통을 초래할 뿐만 아니라 정신과적 문제나 교우관계 등의 사회성 문제를 동반하기도 한다[3]. 이러한 현상은 상대적으로 저소득층 및 취약계층에서 더욱 악화되는 양상을 보이게 되는데[4], 2019년 비만팩트시트(대한비만학회, 2019)에 의하면 사회경제적 수준에 따른 비만의 유병률은 교육 수준이

Received January 29, 2024 Revised March 16, 2024 Accepted April 8, 2024

\*Corresponding author: 홍용희, Tel: +82-32-621-6723, E-mail: hongyonghee@schmc.ac.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?

현재 국가 기관을 통해 다양한 아동·청소년 비만 예방사업 및 정책이 수행되고 있으나 한시적이고 분절적으로 실시되며 동일 대상으로 여러 주체가 중복적으로 유사한 서비스를 제공하는 경우가 많아 개선이 필요하다.

### ② 새로이 알게 된 내용은?

아동·청소년 비만 예방사업 수행에 주된 어려움으로는 학부모와 학생의 비만 예방에 대한 문제 인식 부족과 기관 간, 기관 내 연계 협력이 어렵다는 점이었고, 사업 활성화를 위해서는 대상자의 주 생활환경인 학교 중심의 프로그램이 운영되어야 하며, 지역사회 내 관련 조직들의 적극적인 연계 협조가 필요하다.

### ③ 시사점은?

아동·청소년 비만 예방사업의 효율적인 운영을 위해서는 학교, 보건소 및 관련 기관 간 관리 부서의 차원을 넘어 구체적인 실행 방안에 대한 정부 개입이 선행되어야만 지역사회를 기반으로 유기적인 운영 및 협조가 가능할 것이다.

낮을수록 높아지는 경향이 있으며, 농어촌 지역이 도시 지역보다 높은 비만 유병률을 보이는 등 사회경제적 취약계층에서 비만의 위험성이 더욱 높으므로 국가 차원의 관리가 필요하다[5].

현재 중앙정부나 지자체에서는 다양한 비만 예방 프로그램을 운영하고 있으나 한시적이고 중복적으로 운영되어 거버넌스 차원의 효율적인 체계가 마련되어 있지 않다는 점에서 효과 평가 및 관리 운영에 어려움이 있다[6-8]. 본 연구에서는 다양한 측면에서 아동·청소년 비만 예방 및 관리사업의 현황 및 문제점을 파악하고 이를 보완하기 위한 정책적 방안을 제시하고자 하였다.

## 방 법

### 1. 양적조사

#### 1) 아동·청소년 비만 예방사업 현황 조사

양적조사는 지역기반 비만 예방관리 프로그램 및 이행체계 개발을 위한 현황 파악을 위해 전국 보건소 및 초등학교, 중학교의 사업 제공 실무자 및 관리자를 대상으로 구조화된 조사지를 통한 설문조사를 실시하였다. 설문조사는 1단계) 국내·외 문헌고찰 → 2단계) 예비문항 개발 → 3단계) 타당도 조사 → 4단계) 예비 조사 → 5단계) 최종 조사문항 선정 및 조사 실시 → 6단계) 결과분석 및 피드백 단계에 따라 실시되었다. 설문 문항의 타당성을 검토하기 위해 학계, 학교, 보건소 내 관련 전문가 8인이 설문 문항을 검증하였으며, 질병관리청 및 보건교사회의 협조를 받아 전국 단위로 실시되었다.

조사 대상자는 전국 초등학교 6,163개 기관, 중학교 3,258개 기관(2022년 교육통계연보 기준, 평균 사업 인력 추정치 2.4명), 보건소 258개 기관(2021년 전국 지역보건의료기관 현황 기준, 평균 사업 인력 추정치 2.8명) 내 약 22,946명을 예상 모집단으로 하여 전수조사를 실시하였고, 설문 조사 참여에 동의하고 주요설문에 모두 응답한 최종 응답자는 총 577명으로 학교 사업 제공 실무자 및 관리자가 508명(예상 모집단 대비 2.3%), 보건소 사업 제공 실무자 및 관리자가 69명(예상 모집단 대비 9.5%)이었다.

### 2. 질적조사

질적조사는 실무자 그룹과 전문가 그룹으로 나누어 진행하였다. 실무자 그룹의 경우, 양적조사를 통해 파악된 사업 운영상의 어려움에 대한 구체적인 사유나 사업 활성화를 위한 현실적인 방법 등에 대한 내용을 주로 인터뷰하였고, 전문가 그룹의 경우, 거버넌스 측면의 개선 방안이나 정책적 방향성 등 거시적인 제도의 방향성에 대해 의견을 수렴하였다.

## 1) 아동·청소년 비만 예방사업 제공 실무자 및 관리자 심층 인터뷰

아동·청소년 비만 예방사업 사업 제공 실무자 및 관리자 심층 인터뷰는 교육 분야에서는 교육부, 교육청, 초·중학교, 어린이급식관리지원센터, ‘지역사회 참여형 사업’ 참여 대학교 등의 기관 종사자가 참여하였고, 보건 분야에서는 사전조사를 통해 아동·청소년 비만 예방사업이 활성화되어 있거나 양적설문에 적극적으로 응답한 보건소 사업 제공 실무자 및 관리자를 대상으로 실시하였다. 심층 인터뷰에 참여한 기관은 총 18개 기관으로 서울시 내 7개 기관, 서울 외 수도권 5개 기관, 강원 1개 기관, 충청 1개 기관, 전라 2개 기관, 경상 2개 기관으로 지역 및 도시 규모를 고려하여 선정하였다.

## 2) 전문가 의견 조사

전문가 의견 조사는 상황에 따라 서면 및 대면의 혼합 형식으로 의견을 취합하였다. 임상 전문가 5인, 교육계 전문가 3인, 공공의료사업 전문가 4인, 기타 관련 전문가 2인을 포함하여 총 14명의 전문가 의견을 통해 아동·청소년 비만 예방사업의 방향성 및 향후 개선 방안에 대한 의견을 취합하였다.

# 결 과

## 1. 아동·청소년 비만 예방사업 현황 조사 결과

### 1) 사업 현황 및 사업 제공 실무자 및 관리자의 특성

학교 아동·청소년 비만 예방사업의 담당 인력은 약 2.4명이며, 예산은 연평균 191만 원 수준이었다(표 1). 응답자의 33.3% (169명)가 아동·청소년 비만 예방사업에 별도 예산이

책정되지 않았다고 응답하였고 예산의 주된 지원 주체는 교육부와 교육청이었다. 학교에 종사하는 설문조사 응답자 중 남성은 약 13.0%, 여성은 85.8%로 여성의 비율이 높았다. 평균 연령은 약 41.8세였고, 응답자의 직종은 보건교사가 81.1%로 대부분을 차지하였다.

보건소 아동·청소년 비만 예방사업의 담당 인력은 약 2.8명으로 예산은 연평균 1,295만 원 수준이었으며 보건소별, 사업별 편차(최소 50만 원~최대 8,000만 원)가 큰 편이었다(표 1). 예산의 지원 주체는 주로 보건복지부 및 지자체였다. 보건소에 종사하는 설문조사 응답자 중 남성은 15.9%, 여성은 84.1%로 여성의 비율이 높았다. 평균 연령은 36.3세였으며, 응답자의 직종은 간호사가 36.2%, 운동사가 14.5%, 영양사가 11.6%로 학교에 비해 다양한 직종이 응답하였다.

## 2) 사업 운영의 목적 및 내용

학교의 비만 예방사업 운영의 주된 목적은 비만 예방(82.9%), 비만 중재(73.2%), 인식 개선(29.3%) 순이었고, 운영 내용은 교육(91.5%), 상담(48.4%), 모니터링(47.8%), 평가(20.7%) 순이었다. 보건소의 경우, 운영의 주된 목적은 비만 예방(95.7%), 인식 개선(58.0%), 비만 중재(42.0%) 순으로 운영 내용은 교육(94.2%), 모니터링(63.8%), 물품 제공(30.4%), 상담(29.0%) 순으로 학교와 다소 차이가 있었다(표 2).

## 3) 사업의 연계 수준

사업의 연계 수준은 5점 척도로 조사하였다. 사업 연계의 중요성은 “중요하다”와 “매우 중요하다”라고 응답한 비율이

표 1. 사업의 인력 및 예산 수준

구분		평균	중위수	표준편차	최소값	최대값
사업 전담 인력(명)	학교	2.4	2.0	3.1	1.0	41.0
	보건소	2.8	2.0	1.6	1.0	10.0
사업 예산(만 원)	학교	191.0	150.0	213.1	5.0	2,200.0
	보건소	1,294.9	700.0	1,510.5	50.0	8,000.0

표 2. 사업의 주된 운영 목적 및 내용

구분		학교	보건소
운영 목적	실태 조사	55 (10.8)	5 (7.2)
	인식 개선	149 (29.3)	40 (58.0)
	비만 예방	421 (82.9)	66 (95.7)
	비만 중재	372 (73.2)	29 (42.0)
운영 내용	평가	105 (20.7)	19 (27.5)
	상담	246 (48.4)	20 (29.0)
	교육	465 (91.5)	65 (94.2)
	모니터링	243 (47.8)	44 (63.8)
	바우처/물품 제공	81 (15.9)	21 (30.4)
	진료 연계	16 (3.1)	1 (1.4)

단위: 명(%). 중복응답.

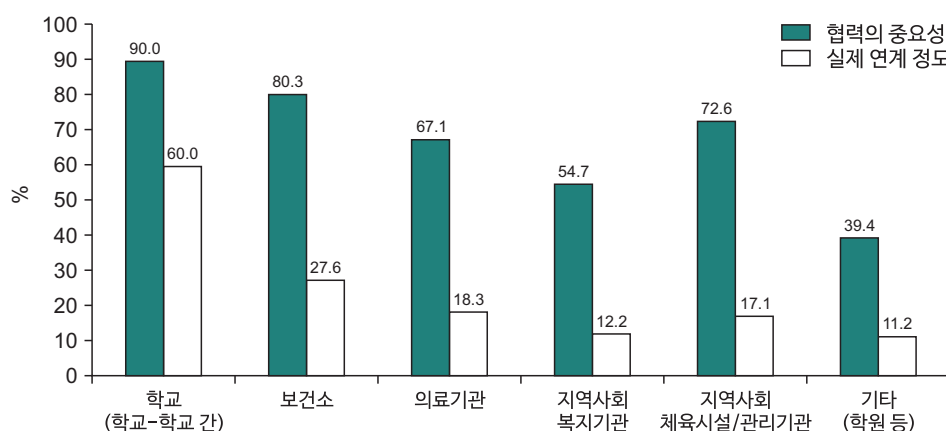


그림 1. 학교의 기관 간 협력의 중요성 대비 실제 연계 정도

고, 실제 연계 정도는 “충분하다”와 “매우 충분하다”라고 응답한 비율을 추계하여 비교하였다.

학교에 종사하는 실무자들은 학교와 학교 간(90.0%) 연계, 보건소(80.3%), 지역사회 체육시설 및 관리 기관(72.6%) 등 순으로 협력이 중요하다고 응답하였고, 그에 비해 실제 연계 정도는 학교와 학교 간(60.0%), 보건소(27.6%), 의료기관(18.3%) 순으로 연계되고 있다고 응답하였다. 특히, 학교-보건소 간 협력 및 지역사회 체육시설의 경우 중요성이 높음에도 불구하고 실제 연계 정도가 상대적으로 낮게 인식되었다(그림 1).

보건소에 종사하는 실무자들은 보건소-학교 간(97.1%) 연계, 보건소-보건소 간(89.9%), 지역사회 체육시설(69.6%) 등

순으로 협력이 중요하다고 응답하였으나, 실제 연계 정도는 보건소-보건소 간(75.4%), 보건소-학교 간(63.8%), 지역사회 체육시설(33.3%) 등 순으로 응답하였다(그림 2). 특히 학교-보건소 간 협력 및 지역사회 체육시설의 경우 중요성이 높음에도 불구하고 실제 연계 정도가 상대적으로 낮게 인식되어 학교와 유사한 경향을 보였으며 학교와 보건소 종사자 모두 기관 간 협력의 중요성 대비 실제 연계 정도가 낮게 인식되었다.



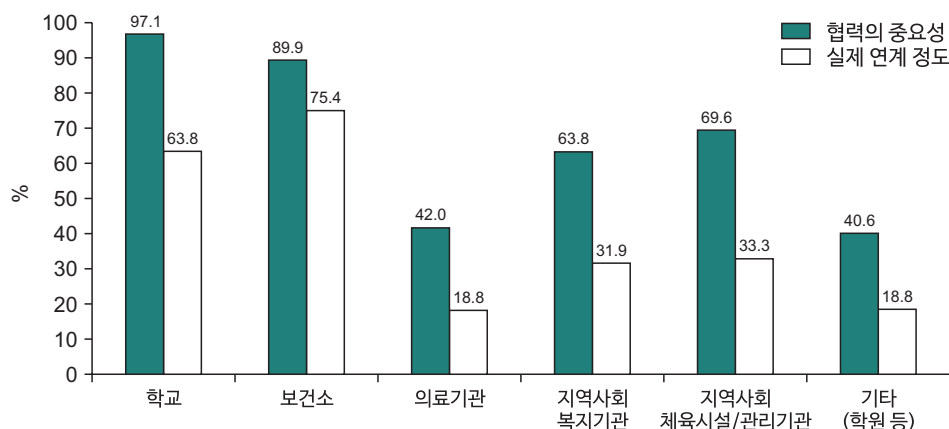


그림 2. 보건소의 기관 간 협력의 중요성 대비 실제 연계 정도

## 2. 아동·청소년 비만 예방사업 사업 제공 실무자 및 관리자 심층 인터뷰 결과

### 1) 사업의 인식 및 방향

적극적인 비만 예방 증대 방안으로 학교는 교육, 비만관리, 교과 외 시간 확보 및 환경 조성의 필요성을 언급하였고, 보건소는 모니터링, 신체활동 지원 및 영양 실습, 사업 참여 대상자에게 인센티브를 제공해야 한다고 응답하여 학교는 교육 중심의 접근을, 보건소는 모니터링 및 실천 중심으로 사업에 접근하는 것을 확인하였다. 비만의 심각성과 비만 프로그램의 필요성은 학교와 보건소 모두 인지하고 있었으며, 아동·청소년 비만 예방사업을 위한 기관별 역할로는 교육 분야와 보건 분야 모두 학교가 중심이 되어 사업을 운영해야 한다고 의견을 제시하였다.

### 2) 사업 연계 현황

기관 내 연계는 학교는 연구학교, 건강드림학교 사업 등의 지정 또는 지시가 있는 경우가 아닌 이상 일상적인 연계는 어렵다고 답변하였고, 보건소는 한 팀으로 구성되어 있으면 상시 연계가 이루어지나, 부서 간 연계는 상시 이루어지기 어렵다고 답변하였다. 학교와 보건소 모두 소속 부서가 다르다면 상시 연계가 어려운 상황이었다.

외부기관 연계는 학교는 외부 요청이 있는 경우 홍보를 해주는 정도의 연계만 이루어지고 있다고 답변하였으나, 보건소

는 어린이집, 학교, 지역아동센터 등의 기관에서 장소를 제공하면 보건소에서 프로그램을 제공하는 형식의 연계가 이루어지고 있다고 답변하여 보건소에서 더 많은 기관과의 연계가 이루어지고 있음을 확인할 수 있었다.

### 3) 사업 운영의 어려움

사업 운영의 어려움으로 학교와 보건소에 종사하는 실무자 모두 학부모와 학생의 사업 참여 의지 및 인식 부족을 주된 이유로 언급하였는데 사업 참여 대상자의 비만의 심각성에 대한 인지 수준이 낮았고 사업의 참여가 낙인효과로 인한 교우관계 등에 부정적 영향을 미칠 수 있다는 두려움을 가진다는 의견이 있었다. 이 외에도 사업 제공 실무자 및 관리자 개인이 사업 기획의 주체가 됨에 따라 전문성 있는 교육 자료의 구득이 어렵고 사업운영 매뉴얼이 부족하다는 점 등을 공통된 어려움으로 응답하였다.

학교의 경우 교육 중심의 체계 운영상 예산 및 전문 인력 확보가 부족하다는 점을 강조하였고, 보건소의 경우 학생들의 주된 생활 터전인 학교의 적극적인 협조 없이는 대상자 모집이 어렵다는 의견이 있었다.

### 4) 사업 활성화 요소 및 중요 사항

사업 활성화의 필요 요소로 학교는 부모와 학생들의 인식 개선, 교직원 대상 교육, 지역사회 연계 활성화, 홍보 활성화,

예산 확보 및 시설 인프라를 선정했고, 보건소는 홍보 활성화, 시설 인프라, 예산, 정책적·제도적 정비를 선정하였다.

사업 진행 시 가장 중요한 혹은 주요 고려 사항으로 학교는 가정의 생활환경(수준) 고려, 학부모와 학생들에 대한 동기 부여, 보건소 중심 사업 추진의 한계, 사업의 지속 가능성, 교육을 위한 지침 또는 자료가 중요하다고 응답하였고, 보건소는 아이들의 관심과 흥미를 유발할 수 있는 프로그램 구성, 교육부 및 교육청의 협조, 학교에서의 사업 진행, 지역 내 연계 체계 마련, 전문 조직의 필요성을 강조하였다.

### 3. 전문가 의견 조사 결과

#### 1) 지역사회 기반 비만 예방 및 만성질환 예방을 위한 운영 방안에 대한 의견

공공의료사업 분야의 전문가는 지역사회 아동·청소년 비만 예방사업의 활성화를 위해서는 사업을 총괄적으로 담당할 컨트롤타워 역할 수행이 가능한 조직이 필요하다는 의견을 제시하였다. 특히, 아동·청소년이 시간을 가장 많이 보내는 학교에서 신체활동을 늘려야 하며, 지역사회 내 해당 지역의 학교 중심의 사업이 운영되어야 함을 강조하였다. 이를 위해, 지역사회의 인력 및 예산을 학교에 집중시키고 해당 지역의 보건소 및 지역사회 유관기관 등의 긴밀한 협조가 필요하다고 응답하였다.

#### 2) 사업 운영의 어려움

전문가가 생각하는 아동·청소년 비만 예방사업의 어려움의 주된 이유로는 사업참여 대상자 및 부모의 인식 및 사업 참여에 대한 적극성이 부족한 점, 학교생활을 주관하는 교육청, 교육지원청 내 아동·청소년 비만에 대한 우선순위가 낮다는 점, 교육부와 보건복지부의 이원화된 체계로 인해 같은 맥락의 업무가 별도로 진행됨에 따라 통합 운영이 어려운 비효율이 존재하는 점 등에 대한 의견을 제시하였다.

#### 3) 아동·청소년 비만 예방관리를 위한 지역사회 연계 방안에 대한 실제적 방안

아동·청소년 비만 예방관리사업의 적극적인 연계를 위해서는 지자체나 교육청 두 곳 중 한 곳의 의지만으로 수행되기 어렵기 때문에 각 기관의 특성 및 역할에 충실한 사업을 진행하는 것만으로도 비만 예방에 효과가 있을 것이라고 응답하였다. 특히 아동·청소년 비만 예방관리에 대한 정책적 우선순위를 높여야 하며, 이를 통한 정부의 지원 확대 및 인센티브를 강화해야 함을 강조하였다.

학생들이 오랜 시간을 보내는 학교 내 신체활동 및 운동량을 높이는 방안이 필요하며, 아동·청소년 비만의 심각성에 대한 사회적 인식 또한 선행되어야 한다는 의견을 제시하였다.

## 논 의

본 연구는 지역 거버넌스 중심 아동·청소년 비만 예방사업 기획과 정책 근거를 마련하고자 시행되었다. 일부 지역 혹은 소수의 대상이 아닌 전국 보건소 및 학교(초등학교, 중학교) 대상 아동·청소년 비만 예방 관리 사업 제공자 대상으로 현 아동·청소년 비만 예방 관리 사업의 실태를 파악하고자 하였다.

학교의 비만 예방 및 관리사업의 현황을 살펴보면 특정 대상에 대한 개입이 아닌 아동 전체를 대상으로 하고 있는데, 학교 내 아동의 비만 분류에 따른 낙인에 대한 문제 발생이 하나의 요인으로 영향을 미쳤을 것으로 판단된다. 기관 간 협력의 중요성 대비 실제 연계 정도는 낮게 조사되었으며, 학교 교내 직종 간 협력의 중요성도 높았으나 실제 연계는 정도가 낮게 나타났다. 타 기관과의 연계 실태가 매우 낮은 이유로 인터뷰 결과를 바탕으로 해석하였을 때, 타 기관과의 협력에 대한 인식에 있어 개방감이 낮고, 교과 외 시간 편성에 대한 부담, 1년 단위 학교 내 계획에 따른 외부 계획 반영의 비탄력성·비

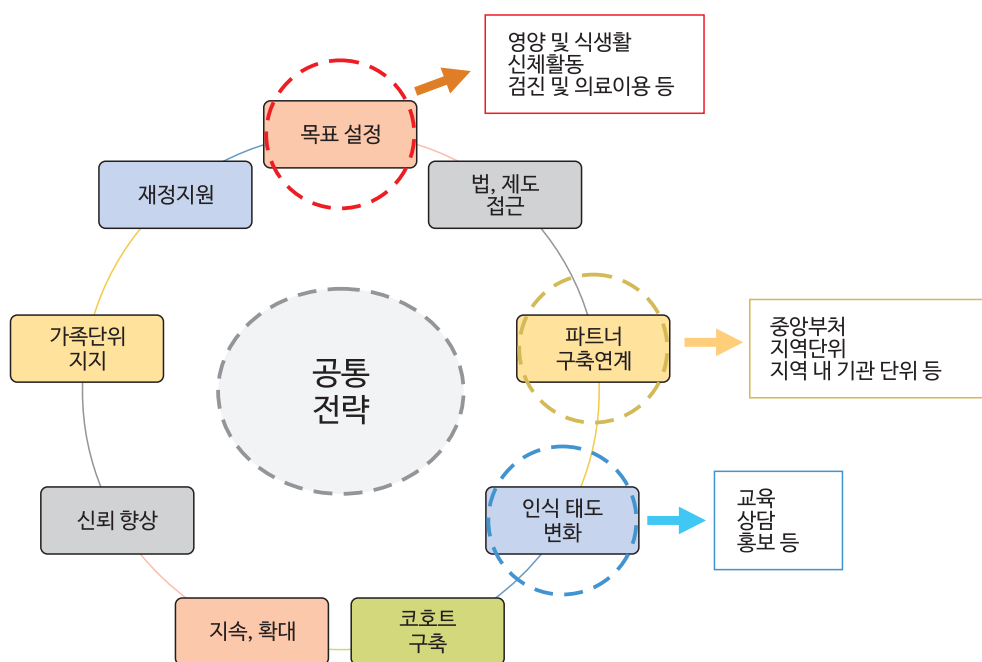
유연성 등으로 분석되었다. 사업 운영의 어려움은 교과 시간 외 사업 수행에 따른 시간 편성의 어려움과 새로운 사업 아이디어나 주제의 한계, 학생들의 적극적이지 않은 참여라고 조사되었고 사업 제공자의 의지도 중요하지만 사업 수혜자 즉, 사업 참여자의 적극적인 참여 의지가 동반되어야 한다는 것을 시사하였다.

보건소의 비만 예방 및 관리사업은 학교와 마찬가지로 비만 정도와 상관없이 아동 전체를 대상으로 하는 사업이 가장 많았으며, 보건소별로 사업 예산의 편차가 큰 이유는 예산 지원 주체의 관심에 따라 아동·청소년 비만 예방관리에 대한 개입 수준이 다름을 보여주는 결과로 해석되며, 이제는 아동·청소년 비만의 사회·환경적·구조적 영역에 대한 개입이 중요시되고 있음을 고려할 때, 지역 규모, 특히 지역 내 아동·청소년 수에 비례한 사업 예산이 책정되어야 될 것으로 사료된다. 또한 현재 대다수의 비만 예방사업은 성인을 중심으로 진행되는 경우가 많아 아동·청소년을 중심으로 만들어진 비만사업이 맞는지에 대한 재평가가 필요하다.

아동·청소년 비만 예방사업의 내용은 교육활동을 주로

수행하고 있음에도 불구하고, 효과에 대한 평가는 신체 발달 상황 변화로 측정하는 경우가 많아 해당 부분에 대한 점검이 필요하다. 아동·청소년의 비만 판정 시에는 성과 연령에 따른 체질량지수 백분위수를 이용하여 비만을 판정하므로 단순히 체질량지수의 전후 비교로 사업의 효과를 평가하는 것은 의미가 없다고 할 수 있다. 그러므로 소아청소년 성장 도표를 바탕으로 연령별 체질량지수의 백분위수 변화가 연속적으로 평가되어야 사업의 효과를 정확하게 판단할 수 있을 것이다.

아동·청소년 비만 예방사업의 연계 수준으로는 기관 내·간 연계 협력의 중요성 대비 실제 연계 정도는 낮게 나타났다. 기관 내 연계의 경우에도 협력의 중요성과 실제 연계 정도에 상당한 차이를 보였다. 기관 내외적으로 연계가 필요함을 인지하고 인식하고 있으나 현실적으로 연계함에 있어 장애요소가 있다는 것을 뜻하며 인터뷰 결과로 비추어 보았을 때 외부적 강제요소 혹은 자의적 동기와 관심이 아닌 경우, 연계에 대한 활동이 추가적 업무라는 인식이 강하였기에 이에 대한 결과가 나타났을 것으로 추측된다. 지역사회 일개 보건소 기관 단위에서 동력 기전 없이 지역사회의 기관에게 연



**그림 3.** 아동·청소년 비만 예방사업을 위한 필수요소 제안  
Data from the article of McGlashan et al. (Sci Rep 2019;9:12599) [9].

계·협력을 이끌어 내기에는 한계가 존재하며, 특히 운영의 활성화 요소로 나타난 보호자 및 가정의 관심은 더더욱 보건소 기관 단위에서 이루어 낼 수 없다. 이러한 결과를 바탕으로 중앙 차원에서 보호자 및 가정의 관심을 유도할 수 있는 정책 전략과 지역사회 내 기관이 움직일 수 있는 동력 기전을 정책 혹은 더 나아가 법으로 접근하는 방법을 고려해야 할 것이다.

국내의 아동·청소년의 비만이 급증함에 따라 다양한 정부 정책이 추진되고 있으나, 정책에 따른 세부 수행에 있어 중앙부처에 따라 산발적 혹은 분절적으로 이루어지고 있다는 한계가 존재한다. 사업의 대상자인 아동·청소년의 주 활동 범위가 가정과 학교라는 점에서 소관 부처의 효율적인 연계체계 마련이 필요하며, 조직 내 인력 확충 및 사업 프로그램 개발을 넘어 적극적인 거버넌스 단위의 정책 및 네트워크 구축 전략이 마련되어야 한다. 또한, 국가적 차원의 아동·청소년 비만 예방의 목표를 명확히 설정하고 이를 기조로 하여 재정 지원, 법과 제도의 정비, 각 중앙정부의 수준별 연계 체계 마련 등을 포함한 공통 전략을 마련해야 한다(그림 3) [9].

본 연구는 비만 예방관리사업 현장 조사를 통해 도출된 시사점을 바탕으로 아동·청소년 대상 비만 예방관리사업 활성화를 위한 정책 방향을 제시하고자 하였다. 그간 일부 지역 혹은 소수를 대상으로 수행되었던 연구와 달리 전국 보건소 및 학교(초등학교, 중학교)의 아동·청소년 비만 예방관리사업 제공자 대상으로 현 아동·청소년 비만 예방관리사업의 실태를 파악하였으며, 관련된 다양한 이해관계자들의 심도 있는 의견을 조사했다는 점에서 연구의 의의가 있다. 본 연구를 통해 제시된 결과는 향후 우리나라 아동·청소년의 아동 비만 예방관리 정책 이행 성과에 기여할 수 있길 바라며, 더 나아가 아동·청소년 비만을 감소와 건강 증진에 기여되길 기대하는 바이다.

## Declarations

**Ethics Statement:** Approval from the institutional review board of Soonchunhyang University Bucheon Hospital (SCHBC 2023-08-011-001) was obtained prior to the study.

**Funding Source:** This research was supported by a grant from the Korea Disease Control and Prevention Agency (grant number 2023-11-25).

**Acknowledgments:** None.

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

**Author Contributions:** Conceptualization: YHH, SCC, HSJ. Data curation: SJP, YMN. Formal analysis: SJP, YMN. Investigation: YHH, SCC, HSJ. Resources: EGK. Supervision: SCC. Visualization: SJP, YMN. Writing – original draft: SJP, HSJ. Writing – review & editing: YHH, SCC.

## References

1. Kansra AR, Lakkunarajah S, Jay MS. Childhood and adolescent obesity: a review. *Front Pediatr* 2021;8:581461.
2. Hong YH. Pediatric obesity: life cycle approach of pediatrician and society. *Clin Exp Pediatr* 2022;65:29-30.
3. Park SY, Choo J. Ecological factors and strategies for childhood obesity prevention targeting vulnerable children: using community-based participatory research. *J Korean Acad Community Health Nurs* 2020;31:256-68.
4. Choo J. An obesity prevention framework for vulnerable children based on a methodology of community-based participatory research: using a strategy of training community lay health advisors. Seoul: Korea Health Promotion Institute; 2013 Nov. Report No.: TRKO201500007074.
5. Dietz WH, Belay B, Bradley D, et al. A model framework that integrates community and clinical systems for the prevention and management of obesity and other chronic

- diseases [Internet]. NAM Perspectives. National Academy of Medicine; 2017 [cited 2024 Jan 28]. Available from: <https://doi.org/10.31478/201701b>
6. Go DS, Choi MJ, Hong SW, Lee SH, Kim YE, Noh JW. Evaluation of healthcare organization based management program in Korea-using chronic care model. *Korea J Hosp Manag* 2016;21:14-31.
  7. Lasker RD, Weiss ES, Miller R. Partnership synergy: a practical framework for studying and strengthening the collaborative advantage. *Milbank Q* 2001;79:179-205, III-IV.
  8. Ahn HK. Building collaborative governance between the central and local governments. Seoul: The Korea Institute of Public Administration; 2015. Report No.: 2015-20.
  9. McGlashan J, de la Haye K, Wang P, Allender S. Collaboration in complex systems: multilevel network analysis for community-based obesity prevention interventions. *Sci Rep* 2019;9:12599.

# Policy Suggestion on Empowerment of Prevention and Management of Pediatric Obesity

Sujin Park<sup>1</sup>, Sochung Chung<sup>2,3</sup>, Hyo Seon Jeong<sup>1</sup>, Young-Min Noh<sup>1</sup>, Eungu Kang<sup>4</sup>, Yong Hee Hong<sup>5\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Public Health Policy, Gyeonggi Public Health Policy Institute, Seongnam, Korea, <sup>2</sup>Department of Pediatrics, Konkuk University School of Medicine, Seoul, Korea, <sup>3</sup>Department of Pediatrics, Konkuk University Medical Center, Seoul, Korea, <sup>4</sup>Department of Pediatrics, Korea University Ansan Hospital, Korea University College of Medicine, Ansan, Korea, <sup>5</sup>Department of Pediatrics, Soonchunhyang University Bucheon Hospital, Soonchunhyang University College of Medicine, Bucheon, Korea

## ABSTRACT

Obesity among children and adolescents is a serious global public health problem. It can lead to obesity in adults, decreased healthy life expectancy, and increased medical costs. Therefore, a national-level intervention, prevention, and active management of obesity are imperative. Current obesity prevention and management projects for children and adolescents are temporary, segmented, and duplicative, with a notable lack of efficient government-led program. In this study, we uncovered the current status of obesity prevention and management projects for children and adolescents, along with problems associated with it from multifaceted perspectives. A survey and in-depth interviews were conducted with fieldworkers and experts. Based on the results of this study, we suggested the following policy directions.

**Key words:** Child; Adolescent; Obesity (prevention); Intervention; Community

\*Corresponding author: Yong Hee Hong, Tel: +82-32-621-6723, E-mail: hongyonghee@schmc.ac.kr

## Introduction

The recent rise in the prevalence of child and adolescent obesity, especially that of class 2 and higher obesity, following the coronavirus disease 2019 pandemic has become one of the most serious public health concerns, and its management is recognized as a critical factor in preventing cascading socio-economic problems beyond simple maintenance of health [1]. Factors that influence child and adolescent obesity are highly complex and dependent on the educational and family environment, which therefore require active social interventions

because food intake and physical activity are not aspects of life in which children and adolescents can directly participate [2].

In particular, obesity in children and adolescents has a high probability to continue toward adulthood and is associated with chronic diseases such as diabetes, hypertension, dyslipidemia, and non-alcoholic fatty liver disease in young adulthood. This not only causes suffering throughout the individual's long life cycle but also social problems such as psychiatric problems and difficulties with friendships [3]. This phenomenon is exacerbated in relatively low-income and vulnerable populations [4]. According to the 2019 Obesity Fact Sheet (Korean Society



### Key messages

#### ① What is known previously?

Currently, various child and adolescent obesity prevention and management projects and policies are being implemented in the Republic of Korea. However, these projects are often temporary, segmented, and duplicative, indicating scope for improvement.

#### ② What new information is presented?

Lack of awareness among parents and students about obesity prevention and management projects and inadequate cooperation between institutions are major challenges encountered during project operations. Schools are the main activity spaces for students; therefore, school-centric programs must be implemented to facilitate such projects. Additionally, active cooperation from related organizations in the local community is required.

#### ③ What are implications?

To implement obesity prevention and management projects for children and adolescents efficiently, it is necessary to prepare a national-level concrete action plan. Smooth operations and cooperation within the local community become possible only when this is done in advance.

for the Study of Obesity, 2019), the prevalence of adult obesity by socioeconomic level tends to increase with lower education level, and rural areas have a higher prevalence of obesity than urban areas. This indicates that the risk of obesity is higher among socioeconomically disadvantaged groups and requires national-level management [5].

Currently, although the national government and local governments operate various obesity prevention programs, they are temporary and overlapping, lacking an efficient system at the governance level. This makes the evaluation of their effectiveness and management difficult [6-8]. This study aims

to identify the status and current problems of prevention and management projects regarding child and adolescent obesity from various aspects and suggest policy measures to complement them.

## Methods

### 1. Quantitative Survey

#### 1) Survey of obesity prevention and management projects for children and adolescents

To determine the current state of development for community-based obesity and control programs and implementation systems nationwide, a quantitative survey was administered to practitioners and providers involved in project delivery at public health centers and elementary and middle schools. The survey employed a six-step process: Step 1) Review of domestic and international literature → Step 2) Development of preliminary survey items → Step 3) Feasibility study → Step 4) Preliminary survey → Step 5) Selection of final survey items and survey implementation → Step 6) Analysis of results and feedback.

To ensure the survey's validity, eight experts from academia, schools, and public health centers reviewed the items. The survey was then conducted nationwide in collaboration with the Korea Disease Control and Prevention Agency and the Korean Health Teachers Association.

The survey targeted practitioners and project providers at 6,163 elementary schools, 3,258 middle schools (estimated to be about average workforce 2.4 people, according to the 2022 Education Statistics Annals), and 258 public health centers (estimated to be about average workforce 2.8, according to the 2021 Status of Local Healthcare Organizations) nationwide,



for an estimated population of 22,946 people. A total of 577 individuals completed the survey (508 from schools and 69 from public health centers), representing a response rate of 2.3% for schools and 9.5% for public health centers.

## 2. Qualitative Survey

A qualitative survey was conducted with two distinct groups: project providers and experts. Project provider were interviewed about the specific reasons behind project operation difficulties and practical solutions for facilitate. In contrast, experts offered insights into the system's macro-level direction, including strategies to improve governance and policy approaches.

### 1) In-depth interviews with the project providers of obesity prevention and management projects for children and adolescents

In-depth interviews were conducted with representatives from various organizations. This included personnel from the Ministry of Education, the Office of Education, elementary and middle schools, the Center for Child-Care Foodservice Management, and universities participating in community engagement projects within the education sector. Additionally, representatives from public health centers known for their active participation in obesity prevention initiatives or strong responses to the quantitative survey were interviewed in the health sector. A total of 18 organizations participated, geographically distributed across seven locations in Seoul, five in the Incheon and Gyeonggi-do, one each in Gangwon-do and Chungcheong-do, and two each in Jeolla-do and Gyeongsang-do. The selection considered both regional size and city population.

### 2) Expert opinion survey

An expert opinion survey was conducted using a mixed-method approach. This involved both written responses and in-person interviews, tailored to individual circumstances. The survey included participation from 14 experts with diverse backgrounds: five clinicians, three education specialists, four public healthcare experts, and two specialists in related fields. Their insights focused on program improvement strategies and future development directions.

## Results

### 1. Survey Results of Obesity Prevention and Management Projects for Children and Adolescents

#### 1) Project status and project provider characteristics

The child and adolescent obesity prevention project at each school is typically run by a team of around 2.4 people, and operates with an average annual budget of KRW 1.91 million (Table 1). Notably, 33.3% of respondents reported no separate budget allocated for this initiative. The primary funding source comes from the Ministry of Education and the Office of Education. School personnel involved in these projects are predominantly female (85.8%), with an average age of 41.8 years. School nurses make up the majority of respondents (81.1%).

Public health centers generally have a larger team size of approximately 2.8 people managing child and adolescent obesity prevention projects. However, the annual budget varies significantly across centers and projects, ranging from KRW 500,000 to KRW 8,000, with an average of KRW 12,950,000 (Table 1). The Ministry of Health and Welfare and local governments are the main funding sources. Similar to schools,

**Table 1.** Number of main participants and budget in the project

Contents		Average	Median	Standard deviation	Minimum	Maximum
Number of main participants (people)	School	2.4	2.0	3.1	1.0	41.0
	Public health center	2.8	2.0	1.6	1.0	10.0
Budget (unit of 10,000 won)	School	191.0	150.0	213.1	5.0	2,200.0
	Public health center	1,294.9	700.0	1,510.5	50.0	8,000.0

**Table 2.** Main operational purpose and content of the project

Contents		School	Public health center
Purpose	Fact-finding survey	55 (10.8)	5 (7.2)
	Improving awareness	149 (29.3)	40 (58.0)
	Obesity prevention	421 (82.9)	66 (95.7)
	Obesity intervention	372 (73.2)	29 (42.0)
Performance	Evaluation	105 (20.7)	19 (27.5)
	Consulting	246 (48.4)	20 (29.0)
	Education	465 (91.5)	65 (94.2)
	Monitoring	243 (47.8)	44 (63.8)
	Provision of goods	81 (15.9)	21 (30.4)
	Medical treatment linkage	16 (3.1)	1 (1.4)

Unit: n (%). (duplicate response).

the workforce at public health centers involved in these projects skews female (84.1%). The average age is 36.3 years, and the range of professions is more diverse than that of schools. Nurses (36.2%) form the largest group, followed by exercise expert (14.5%) and dietitians (11.6%).

## 2) Purpose and content of project operations

Schools primarily focused their obesity prevention programs on prevention (82.9%), intervention (73.2%), and awareness-raising (29.3%). The program content typically included educational components (91.5%), followed by counseling (48.4%), monitoring (47.8%), and evaluation (20.7%). In contrast, public health centers prioritized prevention (95.7%) and awareness-raising (58.0%) over intervention (42.0%). Their programs also included elements of education (94.2%)

and monitoring (63.8%). However, public health centers offered a wider range of support by providing supplies (30.4%) and counseling (29.0%) compared to schools (Table 2).

## 3) Project linkage level

A five-point scale assessed the perceived importance and actual level of collaboration between various entities involved in school-based obesity prevention projects. Importance was determined by the combined percentage of respondents who rated collaboration as “important” and “very important.” Similarly, the actual level of collaboration was measured by summing the percentage who answered “sufficient” and “very sufficient.”

School personnel identified school-to-school collaboration as the most crucial (90.0%), followed by collaboration with

public health centers (80.3%), community sports facilities, and school-management organizations (72.6%). However, the reality of collaboration differed. While most common among schools (60.0%), collaboration with public health centers (27.6%), and healthcare organizations (18.3%) fell short of perceived importance. Notably, both school-public health center collaboration and collaboration with physical education facilities displayed a significant gap between perceived importance and actual levels (Figure 1).

Public health center personnel mirrored the importance placed on school collaboration (97.1%), followed by collaboration with other public health centers (89.9%) and community sports facilities (69.6%). However, the actual collaboration patterns differed slightly. The most frequent collaboration occurred between public health centers themselves (75.4%), followed by collaboration with schools (63.8%), and community sports facilities (33.3%) (Figure 2). Similar to schools, public health center personnel reported a disconnect between the perceived importance of collaboration with schools and physical education facilities and the actual level of collaboration, emphasizing the gap despite its recognized value.

## 2. Results of In-depth Interviews with the Project Providers of Obesity Prevention and Management Projects for Children and Adolescents

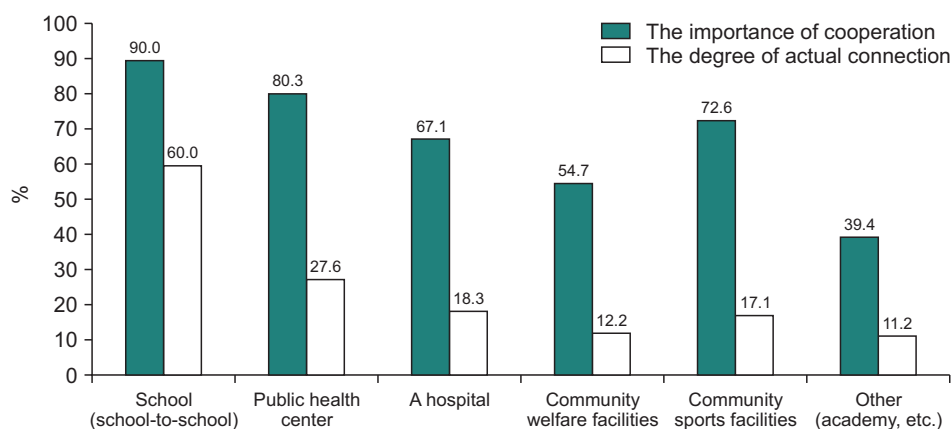
### 1) Perception and direction of projects

In terms of active obesity prevention interventions, schools prioritized educational interventions, emphasizing the need for obesity management education, increased time for physical activity through adjustments to extra-curricular schedules, and the creation of a supportive school environment. In contrast, public health centers focused on monitoring and practice-based interventions, highlighting the importance of regular monitoring, providing support for physical activity and promoting healthy nutrition practices, even offering incentives to encourage project participation.

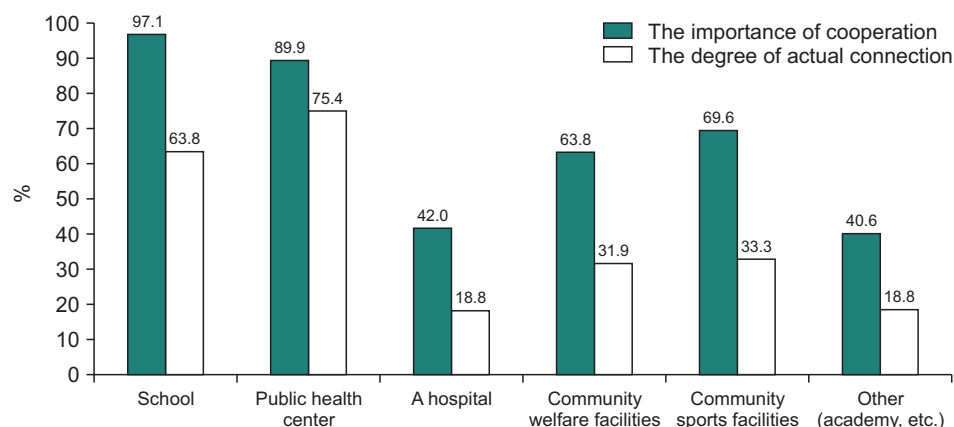
Despite these differing approaches, both schools and public health centers acknowledged the critical role of obesity prevention programs and the seriousness of childhood obesity. Additionally, both the education and health sectors agreed that schools should be a central player in these efforts.

### 2) Project linkage status

In terms of intra-institution collaboration, schools reported



**Figure 1.** Comparison of the importance of inter-institutional cooperation and actual connectivity (school to other institutions)



**Figure 2.** Comparison of the importance of inter-institutional cooperation and actual connectivity (public health center to other institutions)

difficulty collaborating routinely unless designated as part of special programs like “Research Schools” or “Health Dream Schools”. Conversely, public health centers found collaboration within teams to be readily achievable but acknowledged challenges in collaborating between departments. These findings indicate that both schools and public health centers struggle to maintain collaboration across different departments within their organizations.

External collaboration also presents distinct challenges. Schools primarily responded to external requests for program publicity, suggesting a more reactive approach. In contrast, public health centers proactively delivered programs at various locations such as daycare centers, schools, and community child centers.

### 3) Challenges of operating the projects

Both school and public health center practitioners identified a lack of willingness and awareness among parents and students as a significant barrier to program implementation. Specifically, they reported low levels of awareness regarding the seriousness of obesity among the target audience and concerns about potential stigmatization and negative impacts on peer

relationships if students participated in the program.

Another common challenge was the lack of specialized training materials and project operation manuals. This resulted in individual project providers taking on the primary responsibility for project planning.

Schools emphasized the lack of budget and professional manpower as obstacles to operating an education-centered prevention system. This suggests a need for additional resources to support effective program delivery within schools. Public health centers reported difficulty recruiting participants without the active cooperation of schools, as this is where students spend a significant amount of time.

### 4) Project facilitating factors and important considerations

Schools prioritized the following factors as crucial for project success: awareness among parents and children, staff training, community engagement, publicity, budget, and facility infrastructure. In contrast, public health centers placed greater emphasis on publicity, facility infrastructure, budget, and policy and institutional arrangements.

Schools highlighted the importance of addressing the

quality of students' home environments, motivating both children and caregivers for program participation, and acknowledging the limitations of implementing programs solely within public health centers. Ensuring the long-term viability of the projects and having clear guidelines and educational materials were also seen as major concerns for schools.

Public health centers, on the other hand, emphasized creating programs that were appealing to children. They also saw cooperation from the Ministry of Education and the Office of Education as critical, along with implementing projects directly within schools. Establishing strong local connections and having access to professional organizations for guidance were viewed as beneficial by public health centers.

### 3. Expert Opinion Survey Results

#### 1) Opinions on operational plans for community-based obesity and chronic disease prevention

An expert in public healthcare projects emphasized the critical need for a central coordinating body, a control tower, to oversee and facilitate community-based child and adolescent obesity prevention initiatives. The expert further highlighted the importance of increasing physical activity opportunities within schools, given the significant amount of time children and adolescents spend there. This suggests a shift toward prioritizing school-based initiatives alongside community efforts. For successful implementation, it is crucial to focus community resources and budgets on supporting schools while fostering strong collaboration with local public health centers and other community organizations.

#### 2) Challenges of operating the projects

Experts identified several key challenges hindering child

and adolescent obesity prevention projects. First, participants and their parents often lacked the necessary awareness and motivation to actively engage in the programs. Second, the Office of Education and Education Support Centers, which manages school life, did not prioritize child and adolescent obesity prevention as a high-level concern. Finally, the dualized system of the Ministry of Education and the Ministry of Health and Welfare created inefficiencies, hindering the integration of projects within a unified framework.

#### 3) Practical approaches to community engagement for obesity prevention and management projects for children and adolescents

Respondents acknowledged the difficulty of coordinating child and adolescent obesity prevention and management projects by relying on the commitment of one of the two organizations, the local government, or the Office of Education. They emphasized that effective program delivery hinges on projects that leverage the unique strengths and roles of each organization.

Respondents highlighted the critical need to elevate child and adolescent obesity prevention and control to a higher policy priority. This could involve increased government support and the implementation of incentive programs to encourage participation. Second, the suggestion to increase physical activity and exercise opportunities within schools was recognized as important, given the significant time students spend there. Finally, the need for increased social awareness regarding the seriousness of child and adolescent obesity was also emphasized.

## Discussion

This study aimed to provide evidence-based support for local governance in planning and implementing child and adolescent obesity prevention projects and policies. It sought to gain a comprehensive national understanding of the current state of these programs in public health centers and schools (elementary and middle schools) across the country, moving beyond the limitations of focusing on a few regions or a small number of programs.

Schools generally target the entire student population rather than identifying individuals for intervention. This approach may have been influenced by concerns over stigmatization due to the labeling of obese children. While both inter-Institution and inter-professional collaboration was recognized as highly important, the study found disappointingly low levels of actual collaboration in both areas.

Analysis of the reasons behind this low collaboration included low openness to collaboration with other organizations, the burden of organizing extracurricular activities, and a lack of flexibility in adapting external plans to align with the school's yearly schedule.

Project operation challenges identified included difficulties in carving out time for project activities outside of regular school hours, limitations in developing new and engaging program content, and a lack of active participation from students. This highlights the importance of not only project provider commitment, but also the willingness of participants to actively engage.

Similar to schools, public health center programs most often target the entire child population, regardless of individual obesity levels. The large variation in project budgets across

centers may indicate that the intensity of intervention varies depending on the funding organization's interests, rather than a standardized approach based on needs. To address this issue, it is recommended that project budgets be allocated proportionally to the size of the region and the number of children and adolescents it serves. Additionally, a re-evaluation is necessary to ensure programs designed specifically for children and adolescents are available and appropriately tailored to their needs, as many existing obesity prevention programs primarily target adults.

The current practice of evaluating program effectiveness solely through changes in physical development deserves review. Many programs focus primarily on educational activities, and these may not necessarily translate directly to immediate physical changes. Evaluation should consider a broader range of metrics beyond just physical development. Furthermore, rather than simple pre- and post-program Body Mass Index (BMI) comparison, it is recommended to continuously track the change in percentile BMI by age using pediatric growth charts. This provides a more accurate picture of program effectiveness by taking into account continuous growth patterns in children and adolescents.

This study revealed a significant gap between the perceived importance of collaboration, both intra-Institution and inter-Institution, in child and adolescent obesity prevention projects, and the actual level of collaboration achieved. This suggests that obstacles hinder the implementation of collaborative efforts despite their acknowledged value.

Interview results indicated that a strong perception of collaboration activities as extra work was a major barrier. Collaboration was more likely to occur when driven by external mandates, volunteer motivation, or genuine organizational

interest. At the community level, the success of linkages and collaborations appears to be significantly influenced by the interest and engagement of guardians and households. These findings highlight the need for policy strategies that address these challenges.

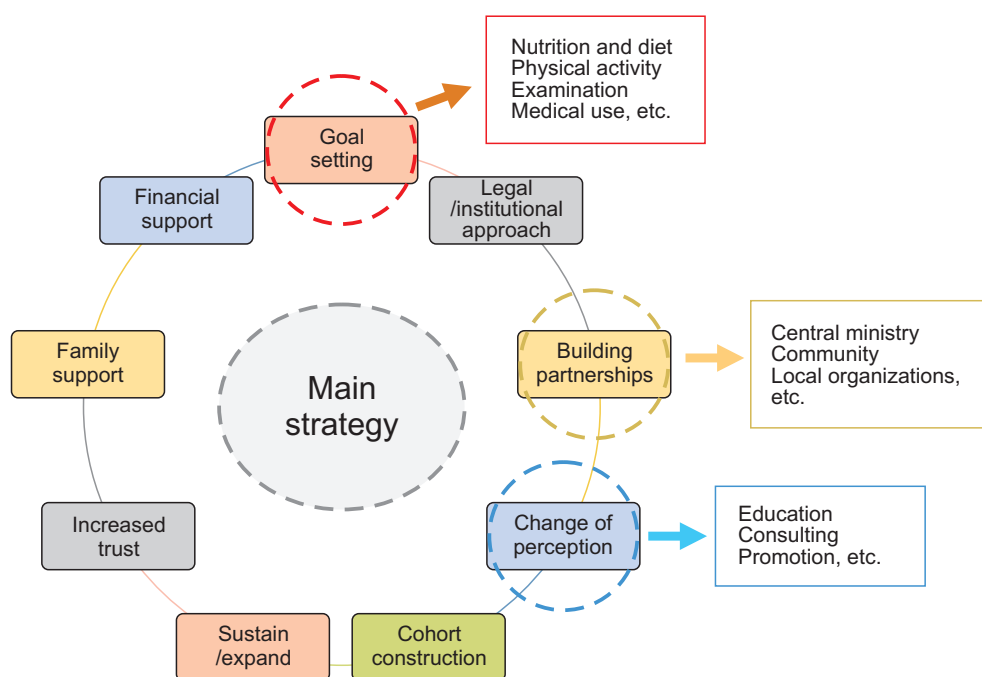
To strengthen collaboration, policy strategies are needed to actively engage guardians and households at the central level. Developing mechanisms to incentivize and mobilize community organizations can further strengthen collaborative efforts.

While various government policies target childhood and adolescent obesity in the Republic of Korea (ROK), their implementation often occurs in a fragmented manner depending on the central authority involved. Given that home and school are the primary environments for children and adolescents, establishing an efficient linkage system among relevant authorities is crucial.

This calls for a more comprehensive policy and network-building

strategy at the governance level. Efforts should extend beyond simply expanding human resources and developing project programs. A clear national goal for preventing child and adolescent obesity should be established. To achieve this goal, a comprehensive national strategy is needed, encompassing elements such as financial support, legal and institutional reforms, and a well-coordinated system across all levels of the central government (Figure 3) [9].

This study aimed to translate valuable insights from a nationwide field survey of child and adolescent obesity prevention and management projects into actionable policy directions. Unlike previous research limited to specific regions or smaller samples, this study provides a comprehensive national perspective. It examines the current status of programs in public health centers and schools (elementary and middle schools), and gathers in-depth feedback from various stakeholders involved. The findings presented here are expected to



**Figure 3.** Proposal of essential elements for child and adolescent obesity prevention project  
Data from the article of McGlashan et al. (Sci Rep 2019;9:12599) [9].



significantly impact the implementation of obesity prevention and management policies for children and adolescents in ROK. Ultimately, this knowledge can contribute to a reduction in child and adolescent obesity rates and promote overall health improvements.

## Declarations

**Ethics Statement:** Approval from the institutional review board of Soonchunhyang University Bucheon Hospital (SCHBC 2023-08-011-001) was obtained prior to the study.

**Funding Source:** This research was supported by a grant from the Korea Disease Control and Prevention Agency (grant number 2023-11-25).

**Acknowledgments:** None.

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

**Author Contributions:** Conceptualization: YHH, SCC, HSJ. Data curation: SJP, YMN. Formal analysis: SJP, YMN. Investigation: YHH, SCC, HSJ. Resources: EGK. Supervision: SCC. Visualization: SJP, YMN. Writing – original draft: SJP, HSJ. Writing – review & editing: YHH, SCC.

## References

1. Kansra AR, Lakkunarajah S, Jay MS. Childhood and adolescent obesity: a review. *Front Pediatr* 2021;8:581461.
2. Hong YH. Pediatric obesity: life cycle approach of pediatrician and society. *Clin Exp Pediatr* 2022;65:29–30.
3. Park SY, Choo J. Ecological factors and strategies for childhood obesity prevention targeting vulnerable children: using community-based participatory research. *J Korean Acad Community Health Nurs* 2020;31:256–68.
4. Choo J. An obesity prevention framework for vulnerable children based on a methodology of community-based participatory research: using a strategy of training community lay health advisors. Seoul: Korea Health Promotion Institute; 2013 Nov. Report No.: TRKO201500007074.
5. Dietz WH, Belay B, Bradley D, et al. A model framework that integrates community and clinical systems for the prevention and management of obesity and other chronic diseases [Internet]. *NAM Perspectives. National Academy of Medicine*; 2017 [cited 2024 Jan 28]. Available from: <https://doi.org/10.31478/201701b>
6. Go DS, Choi MJ, Hong SW, Lee SH, Kim YE, Noh JW. Evaluation of healthcare organization based management program in Korea—using chronic care model. *Korea J Hosp Manag* 2016;21:14–31.
7. Lasker RD, Weiss ES, Miller R. Partnership synergy: a practical framework for studying and strengthening the collaborative advantage. *Milbank Q* 2001;79:179–205, III–IV.
8. Ahn HK. Building collaborative governance between the central and local governments. Seoul: The Korea Institute of Public Administration; 2015. Report No.: 2015–20.
9. McGlashan J, de la Haye K, Wang P, Allender S. Collaboration in complex systems: multilevel network analysis for community-based obesity prevention interventions. *Sci Rep* 2019;9:12599.

# 국내 원숭이두창 바이러스 전장유전체분석: 메타지노믹 시퀀싱과 액상 혼성화 시퀀싱 방법 비교

최치환, 이민지, 이상은, 신화철, 최명민, 김진원, 이화중, 정윤석\*

질병관리청 감염병진단분석국 고위험병원체분석과

## 초 록

본 연구에서는 2022년 5월부터 2023년 11월까지 국내에서 발생한 엡폭스 양성환자의 검체를 통해 원숭이두창 바이러스(monkeypox virus, MPXV)의 전장유전체 정보를 분석했다. 엡폭스는 아프리카 지역에서 발생하는 감염병으로, 2022년 5월에 영국에서 최초의 감염 사례가 확인된 이후 전 세계로 확산하였다. 국내에서는 23년 11월 24일 기준, 155건의 감염 사례가 발생하였고, 주된 감염경로는 유증상자와의 밀접한 접촉으로 확인되었다. 엡폭스의 원인 병원체인 MPXV는 약 197,000 bp 크기의 이중 가닥 DNA로 이루어져 있으며, 약 191개의 유전자와 양쪽 말단의 역위말단반복 부위, 그리고 중심보존부위를 포함하고 있다. 유전형은 클레이드 I (중앙아프리카형)과 클레이드 II (서아프리카형)으로 나뉘며, 클레이드 I는 1-10% 이하의 치명률을, 클레이드 II는 1% 미만의 치명률로 보고되었다. 연구에서는 두 가지 시퀀싱 방법, 메타지노믹 시퀀싱과 액상 혼성화 시퀀싱을 통해 전장유전체 분석을 수행하였다. 액상 혼성화 시퀀싱은 MPXV 리드 서열을 메타지노믹 시퀀싱에 비해 효과적으로 생산하는 데 우수함을 나타냈다. 검체 종류에 따라 생산되는 바이러스 리드의 비율이 다르며, 이를 고려하여 전장유전체 분석에 활용할 검체 종류를 선택하였다. 유전체 계통분석 결과, 국내에서 발생한 엡폭스 바이러스는 해외에서 유입된 리니지 C.1에 속하는 것으로 확인되었다. 이는 국내에서의 지속적인 전파를 시사하며, 국내 및 국제적인 MPXV 변이에 대한 대응을 위한 중요한 단서를 제공한다. 또한 감염 경로를 파악하고 감염병 대응 및 예방 전략을 개선하는 데 기여할 것으로 기대된다.

**주요 검색어:** 원숭이두창 바이러스; 전장유전체분석; 계통발생학적 분석

## 서 론

원숭이두창 바이러스(monkeypox virus, MPXV)에 의해 감염되는 엡폭스는 1958년 원숭이에서 처음 발견된 이후 1970년 인체감염이 확인되었다. 엡폭스는 중앙아프리카와 서

부 아프리카 지역의 풍토병이었으나 2022년 5월 6일 영국인의 나이지리아 여행 후 감염이 확인되었고, 이후 유럽과 북미를 중심으로 비풍토병 지역에서 이례적으로 유행하는 감염병이다[1]. 이 바이러스는 2019년 Sars-Cov-2 바이러스(코로나바이러스감염증-19의 원인 바이러스) 이후 전 세계 유행

Received November 28, 2023 Revised December 26, 2023 Accepted December 28, 2023

\*Corresponding author: 정윤석, Tel: +82-43-719-8270, E-mail: rollstone93@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?**

원숭이두창 바이러스에 의해 감염되는 엡폭스는 2022년 5월 이후 전 세계로 유행하였고, 국내 첫 번째 환자의 원숭이두창 바이러스는 클레이드 IIb, 리니지 B.1.1에 속함을 확인하였다.

**② 새로이 알게 된 내용은?**

2022년 국내에서 보고된 원숭이두창 바이러스는 리니지 B.1.1과 A.2.1에 속함을 확인하였으며, 이와 다르게 2023년 5월부터 11월까지 확인된 원숭이두창 바이러스는 클레이드 IIb, 리니지 C.1에 속하였다. 이는 해외에서 유입된 바이러스가 지역사회에 전파되었음을 시사한다.

**③ 시사점은?**

질병관리청은 엡폭스 첫 환자가 발생한 시점인 2022년부터 6월부터 2023년 11월까지 원숭이두창 바이러스 유전체 정보를 지속적으로 수집, 분석하여 바이러스의 새로운 변이와 전파 양상을 모니터링하고 있다. 이러한 접근 방법을 통해서 바이러스의 다양한 위험 변이 식별 및 전파 경로를 과학적으로 파악할 수 있다. 또한 확보된 전장유전체 정보는 감염병 진단, 백신, 치료제 개발을 위한 기초연구자료와 효과적인 예방 조치 및 치료 전략 등의 근거자료로 활용될 수 있다.

을 일으킨 또 하나의 위험한 바이러스로 분류되어, 세계보건기구(World Health Organization, WHO)의 2022년 7월부터 2023년 5월까지 약 10개월간 국제공중보건상황(Public Health Emergency of International Concern)을 이끈 원인이기도 하다[2]. 질병관리청 검사보고에 따르면 2022년 6월부터 2023년 11월까지 155건이 발생하였고[3], 사망보고는 없으며, 감염경로는 의료노출 1건을 제외하고 유증상자와의 밀접한 접촉에 의한 것으로 보고되었다[4]. MPXV는 약 197,000 bp의 이중 가닥 DNA로 191개의 유전자로 이루어지며 유전체 서열 양쪽 말단에 역위말단반복(inverted terminal repeat) 부위가 존재한다[5]. 유전형은 중앙아프리카형과 서아프리카형으로 나뉜다. 2022년 8월 WHO에 의해 전자는 클레이드 I, 후자는 클레이드 II (서브클레이드 a, b)로 재명명

되었고[6], 유전형에 따른 치명률은 클레이드 I의 경우 1~10% 이하, 클레이드 II의 경우 1% 미만으로 보고된다[7]. 같은 종의 바이러스라도 클레이드에 따라 인체에 더욱 치명적이므로 엡폭스 진단 이후 유전체분석을 통해 국내에서 유행하는 바이러스의 클레이드를 확인하는 과정을 간과할 수 없다. 2023년 11월 공공 유전체 데이터베이스(Genbank)에 등재된 바이러스 유전체는 약 6,900건이며, 이 중 2022년 5월 이후 등록된 유전체가 6,354건을 차지한다[8]. 차세대 염기서열 분석(next generation sequencing, NGS)의 기술 발전과 보급으로 전 세계 국가가 엡폭스 양성환자의 검체에서 빠르게 바이러스 유전체를 분석하여 바이러스 특성과 유행양상을 확인 및 공유하면서 지속적으로 유전체 감시(genomic surveillance)에 힘쓰고 있다. 본 원고에서는 국내에서 발생한 엡폭스 양성 환자의 검체로부터 얻어진 바이러스를 NGS 기술을 이용하여 전장유전체 분석을 수행하는 방법과 결과를 기술하고, 국내에서 유행하는 바이러스 분류와 변이 등을 지속적으로 모니터링하기 위한 유전체 감시 방법을 소개한다.

**방 법**

국내 바이러스 전장 유전체 분석은 ‘메타지노믹 시퀀싱(metagenomic sequencing)’과 ‘엑상 혼성화(hybridization capture)’를 이용한 시퀀싱 두 가지 방법으로 수행되었다. 일반적으로는 NGS 수행을 위해 다음과 같은 단계를 거친다. 검체에서 DNA를 추출한 후 시퀀싱을 위해 DNA나 RNA 모음형태인 라이브러리 제작하고, 이를 이용하여 NGS 기기에서 유전체 리드를 생산하게 된다. 단, 라이브러리 제작은 환자의 검체 내에 있는 모든 DNA를 생산하는 메타지노믹 시퀀싱과 특정 바이러스 유전체만을 목표로 시퀀싱하는 엑상 혼성화를 이용한 시퀀싱 방법에 따라 준비하였으며, MiSeq NGS 기기(Illumina, Inc.)에서 생산하였다. 2022년에 생산된 유전체의 경우는 환자의 검체에서 바이러스를 분리·배양 후 메타지노믹

시퀀싱을 적용하여 생산하였으며, 2023년도부터는 환자가 급증함에 따라 그에 대응하기 위해 참조유전체로부터 고안된 프로브를 활용한 액상 혼성화 방식을 이용하여 MPXV만을 증폭하는 두 번째 시퀀싱 방법으로 생산하였다. 여기에서 프로브는 DNA나 RNA와 상호작용하여 특정 유전자나 염기 서열을 찾아내는 작은 조각이다.

## 1. 메타지노믹 시퀀싱을 위한 라이브러리 제작 방법

환자의 검체 또는 세포 배양을 통해 분리·배양한 바이러스로부터 핵산을 추출하기 위하여 컬럼 방식의 QIAamp DNA blood minikit (Qiagen)를 사용하였으며, 추출한 핵산은 Qubit 4 형광측정기(Invitrogen)를 이용하여 정량 및 표준화하였다. 메타지노믹 시퀀싱을 위해서 Illumina Inc.의 Miseq NGS 기기를 이용하였다. 약 100-500 ng의 추출 DNA를 이용하여 Miseq NGS 기기에 적합한 라이브러리를 제작하였다. 라이브러리 제작을 위해 먼저 bead-linked transposomes를 이용하여 DNA를 조각냄과 동시에 시퀀싱 기기에서 읽을 수 있는 어댑터 시퀀스를 도입하는 태그멘테이션(tagmentation) 단계를 거치고, 이어서 태그된 DNA만을 획득하는 정제 단계를 거쳤다. 이렇게 태그된 DNA를 활용하여 인덱스 어댑터 (Illumina, 20091654)와 함께 증합효소연쇄반응을 활용한 증폭 단계를 거쳐 시퀀싱 기기를 위한 라이브러리를 제작하였다. 제작된 라이브러리는 비드(bead)를 이용한 정제 단계를 거치고, Qubit 4 형광측정기(Invitrogen)와 전자포토메트릭 감지 기술을 활용한 TapeStation (Agilent Technologies) 장비를 통하여 형성된 라이브러리의 농도와 크기를 정확하게 측정하고 제작된 라이브러리의 품질을 평가하였다. 최종 약 10 pM의 라이브러리를 이용하여 시퀀싱하였다. 라이브러리 제작을 위한 모든 과정은 Illumina DNA prep (M) Tagmentation (20060060) 시약을 이용하였으며, 제조사에서 제공하는 프로토콜에 따라 정밀하게 수행하였다.

## 2. 액상 혼성화 시퀀싱을 위한 라이브러리 제작 방법

검체의 모든 DNA를 생산하는 메타지노믹 시퀀싱은 편향되지 않은 결과를 생산할 수 있다는 장점이 있으나 우리가 얻고자 하는 MPXV 리드 서열의 비율이 높지 않아 시퀀싱 효율이 떨어지므로 이를 보완하기 위해 액상 혼성화 시퀀싱 분석 방법을 도입하였다. 액상 혼성화 시퀀싱 방법을 위한 라이브러리 제작은 농축(enrichment) 단계를 추가적으로 거친다. 라이브러리 제작을 위해 필요한 핵산은 동일하게 QIAamp DNA blood minikit (Qiagen)를 사용하여 추출하였으며, Qubit 4 형광측정기(Invitrogen)를 이용하여 정량 및 표준화하였다. 메타지노믹 시퀀싱 분석 방법에서 사용한 것보다 적은 양인 약 10-100 ng의 추출된 DNA를 이용하여 라이브러리를 제작하였으며 초기 단계는 위와 동일하다. Bead-linked transposomes를 이용하여 조각낸 DNA를 어댑터 시퀀스 도입을 위한 태그 단계를 거치고, 정제하여 태그된 DNA만을 인덱스 어댑터(Illumina, 20091654)와 함께 증폭하였다. 증폭된 라이브러리를 정제하고 정량 및 표준화한 후 액상 혼성화 시퀀싱을 위한 농축 단계를 거쳤다. 이때 Illumina Inc.의 Viral Surveillance Panel (VSP)을 활용하였는데, 이는 우리가 얻고자 하는 MPXV를 포함한 60여 개의 바이러스를 타깃으로 하는 프로브 조합으로 고안된 패널이다. VSP 패널을 활용하여 MPXV를 포획하기 위하여 증폭된 라이브러리를 VSP 패널을 포함한 반응 시약과 함께 Thermo Cycler (Applied Biosystems)에 두고 정확한 온도 제어를 통하여 액상 혼성화하였다. 이 과정은 58℃에서 최소 16시간 정치하여야 하므로 메타지노믹 시퀀싱을 위한 라이브러리 제작 과정보다 하루 정도의 시간이 더 소모되었다. 이렇게 포획된 라이브러리는 마그네틱 비드를 활용하여 정제한 후 액상 혼성화된 라이브러리만을 추출하였다. 이렇게 액상 혼성화를 통하여 MPXV를 포획한 라이브러리는 증폭 단계와 정제 단계를 거치고 Qubit 4 형광측정기(Invitrogen)와 전자포토메트릭 감지 기술을 활용한 TapeStation (Agilent Technologies) 장비를 이

용하여 품질을 평가하였다. 최종 약 9 pM의 제작된 라이브러리를 이용하여 시퀀싱하였다. 라이브러리 제작을 위한 모든 과정은 Illumina RNA Prep with Enrichment Tagmentation (20040536) 시약을 이용하였으며, 제조사에서 제공하는 프로토콜에 따라 정밀하게 수행하였다.

### 3. 전장유전체 분석 및 평가

MiSeq NGS 기기에서 생산된 paired-end 형식의 리드서열은 Kraken2 [9]를 이용하여 호스트 게놈(hg19)을 제거한다. CLC Genomics Workbench 20 (CGW) 도구를 사용하여 유전체 분석을 진행하며, 입력 파라미터를 명시하지 않는 경우는 기본값으로 수행한다. 제거된 리드서열은 trimming threshold 0.001 파라미터를 사용하여 어댑터 서열과 Q30 이하의 낮은 품질의 리드를 필터링한다. CGW의 resequencing 기능을 통해 참조유전체(NC\_063383.1)를 이용하여 리드를 매핑하고, *de novo* assembly 기능을 이용하여 컨티그로 조립 후 리드매핑된 서열과 컨티그를 비교 분석하여 최종적으로 유전체의 구조 변형의 유무를 분석하고 최종서열을 완성한다. 완성된 서열은 QUAST [10]를 통해 전장유전체의 완성도를 평가하며, NextClade [11]를 사용하여 최종 클레이드와 변이

를 확인한다.

이렇게 완성된 유전체는 Nextstrain 분석 파이프라인[12]을 통해 전 세계 공공 유전체 데이터베이스에 등록된 유전체를 대상으로 유연관계를 확인하였다. Nextstrain의 분석 파이프라인은 워크플로 프로그램인 Snakemake [13]를 사용하여 Augur [14] 등의 분석도구와 방법을 정의한 규칙에 따라 분석을 수행하며, 최종 결과를 auspice를 통해 시각화한다. 추가적으로 Apobec3에 의한 변이(TC→TT, GA→AA)를 분석하기 위해 mutation profile [15]를 사용하여 확인하였다.

## 결 과

메타지노믹 시퀀싱 방법, 액상 혼성화 시퀀싱 방법으로 생산된 NGS 리드의 서열은 표 1과 같이 도출되었다. 메타지노믹 시퀀싱 방법을 이용한 경우, MPXV 리드서열은 10% 미만으로 생산되는 반면 액상 혼성화 시퀀싱 방법의 경우, MPXV 리드 서열이 90% 이상 생산됨을 확인하였다. 액상 혼성화 시퀀싱은 시퀀싱 효율을 높인다는 장점이 있으나 메타지노믹 시퀀싱 방법과 비교했을 때 라이브러리 제작을 위한 농축 단계를 거쳐야 하므로 시간과 비용이 추가적으로 소요되었다. 검

표 1. 검체별 메타지노믹 시퀀싱과 액상 혼성화 시퀀싱 분석 방법에 따른 바이러스 리드 비교

ID	검체(CT값 <sup>a)</sup> )	메타지노믹 시퀀싱		액상 혼성화 시퀀싱	
		바이러스 리드 비율 <sup>b)</sup>	유전체 커버리지 <sup>c)</sup> /커버리지 정도 <sup>d)</sup>	바이러스 리드 비율 <sup>b)</sup>	유전체 커버리지 <sup>c)</sup> /커버리지 정도 <sup>d)</sup>
MPXV-ROK-P002-2022	구인두도말(34.81)	0.5% (123,258/21,578,224)	65%/12X	83% (248,504/297,732)	100%/166X
MPXV-ROK-P003-2022	피부병변(23.11)	5% (241,032/4,282,341)	100%/225X	98% (13,562,486/13,826,110)	100%/8,860X
MPXV-ROK-P003-2022	가피(26.35)	11% (602,146/5,616,046)	100%/600X	N/A	N/A
MPXV-ROK-P003-2022	구인두도말(27.53)	0.7% (34,894/4,919,884)	99%/10X	N/A	N/A

<sup>a)</sup>CT값=threshold of cycle, CT값은 주로 어떤 유전자에 대한 DNA 또는 RNA의 양을 나타내는 지표로 CT값이 낮을수록 유전자나 시험 대상의 양이 많이 포함되어 있음. <sup>b)</sup>바이러스 리드 비율=바이러스 유전체에 해당하는 염기서열 조각 개수(바이러스 리드)÷총 생산된 염기서열 조각 개수(저체 리드)×100. <sup>c)</sup>유전체 커버리지=리드서열이 커버하는 전체 바이러스 유전체에 대한 비율. <sup>d)</sup>커버리지 정도=유전체의 특정 위치에서 평균적으로 얼마나 많은 염기서열 조각이 중첩되었는지 나타내는 지표.



체의 종류에 따라 생산되는 바이러스 NGS 리드는 투입되는 검체 수에 따라 감소하므로, 전체 생산량 대비 바이러스 리드 비율로 환산할 경우 가피, 피부병변, 구인두도말, 혈액 순으로 생산비율의 차이를 보였다. 생산되는 바이러스 NGS 리드는 검체의 바이러스 양에 따라 달라질 수 있다. 이전 결과에 따르

면 같은 환자의 여러 부위에서 채취된 검체의 바이러스 양은 다양하며, 이러한 점을 고려하였을 때 정확한 진단과 분석을 위하여 다양한 부위에서 여러 종류의 검체를 채취하는 것이 필요하다[16].

위와 같은 결과를 바탕으로 전장유전체 분석에 활용되는

표 2. 국내 발생 MPXV 전장유전체 등재현황(GenBank)

ID	수집일	클레이드	리니지	GenBank 등록번호
MPXV-ROK-P1-2022	2022-06-22	I Ib	B.1.1	OP204857
MPXV-ROK-P002-2022	2022-09-02	I Ib	B.1.1	OR459775
MPXV-ROK-P003-2022	2022-11-15	I Ib	A.2.1	OR459776
MPXV-ROK-P004-2022	2022-11-22	I Ib	A.2.1	OR459777
MPXV-ROK-P005-2023	2023-03-13	I Ib	C.1	OR459778
MPXV-ROK-P006-2023	2023-04-06	I Ib	C.1	OR459779
MPXV-ROK-P007-2023	2023-04-10	I Ib	C.1	OR459780
MPXV-ROK-P008-2023	2023-04-11	I Ib	C.1	OR459781
MPXV-ROK-P009-2023	2023-04-12	I Ib	C.1	OR459782
MPXV-ROK-P010-2023	2023-04-13	I Ib	C.1	OR459783
MPXV-ROK-P011-2023	2023-04-14	I Ib	C.1	OR459784
MPXV-ROK-P012-2023	2023-04-15	I Ib	C.1	OR459785
MPXV-ROK-P013-2023	2023-04-15	I Ib	C.1	OR459786
MPXV-ROK-P014-2023	2023-04-17	I Ib	C.1	OR459787
MPXV-ROK-P015-2023	2023-04-18	I Ib	C.1	OR459788
MPXV-ROK-P016-2023	2023-04-18	I Ib	C.1	OR459789
MPXV-ROK-P017-2023	2023-04-18	I Ib	C.1	OR459790
MPXV-ROK-P018-2023	2023-04-18	I Ib	C.1	OR459791
MPXV-ROK-P019-2023	2023-04-19	I Ib	C.1	OR459792
MPXV-ROK-P020-2023	2023-04-19	I Ib	C.1	OR459793
MPXV-ROK-P021-2023	2023-04-21	I Ib	C.1	OR459794
MPXV-ROK-P022-2023	2023-04-21	I Ib	C.1	OR459795
MPXV-ROK-P024-2023	2023-04-21	I Ib	C.1	OR459796
MPXV-ROK-P026-2023	2023-04-22	I Ib	C.1	OR459797
MPXV-ROK-P027-2023	2023-04-22	I Ib	C.1	OR459798
MPXV-ROK-P028-2023	2023-04-22	I Ib	C.1	OR459799
MPXV-ROK-P029-2023	2023-04-23	I Ib	C.1	OR459800
MPXV-ROK-P030-2023	2023-04-23	I Ib	C.1	OR459801
MPXV-ROK-P032-2023	2023-04-25	I Ib	C.1	OR459802
MPXV-ROK-P033-2023	2023-04-25	I Ib	C.1	OR459803
MPXV-ROK-P034-2023	2023-04-25	I Ib	C.1	OR459804

클레이드=공통의 조상에서 진화한 생물의 그룹. MPXV의 경우, 기존의 중앙아프리카 지역의 콩고-바신 바이러스를 클레이드 I으로, 서아프리카 지역의 바이러스는 클레이드 II로 나뉘며; 리니지(Lineage)=공통의 조상에서 파생된 유전적으로 밀접한 관련성을 가지는 바이러스 그룹. 클레이드, 서브 클레이드, 리니지 순으로 세분화됨. MPXV의 경우, A.1, B.1, C.1 등으로 세부적으로 리니지가 나뉘며; Genbank 등록번호=공공 유전체 데이터베이스 (GenBank)에서 부여한 등록번호; MPXV=원숭이두창 바이러스(monkeypox virus).

검체는 바이러스 양이 확인된 가피, 피부병변을 우선하고, 액상 혼성화 시퀀싱 방법을 우선하였다. 이 결과, 전장유전체 분석은 2022년 6월부터 11월까지 국내에서 발생한 양성 환자의 검체 중 105개를 진행하였고, 완성된 일부 30개 전장유전체를 공공 유전체 데이터베이스에 공개하고 있다(표 2). NextClade를 이용한 유전체 계통을 분석한 결과, 국내에서 보고된 전장유전체의 계통이 전 세계에서 유행 중인 클레이드 IIb 중 리니지 B.1.1, A.2.1, C.1 등으로 분류되며, 이 중 2023년에 발생한 바이러스는 모두 리니지 C.1인 것으로 확인되었다. Nextstrain 사용한 유전체 계통학적 분석 결과에서도 위와 같은 결과를 확인하였다. 또한 변이분석을 위하여 CGW를 사용하여 참조유전체 서열(NC\_063383.1)을 기준으로 전장유전체를 비교한 결과, 뉴클레오타이드 변이가 74-86개, 아미노산 변이는 28-41개로 확인되었으며, APOBEC3 효소에 의한 변이가 80%로 확인되었다. 질병관리청에서 옴폭스 진단 분석에 사용되는 *A38R*, *F3L* 유전자 부위에서의 변이는 현재까지 발견되지 않아 진단에 영향을 주지는 않는 것으로 확인되었다.

## 논 의

본 연구에서는 NGS 기술과 생물정보분석 기술을 활용하여 2022년 5월부터 2023년 11월까지 국내에서 발생한 옴폭스 양성환자의 검체에서 MPXV의 전장유전체 정보를 성공적으로 분석하였다. 또한 액상 혼성화 시퀀싱 도입을 통해 MPXV의 유전체 리드 생산을 효과적으로 개선하였다. 전장유전체 분석 결과에 따르면 2022년 해외유입 MPXV는 리니지 B.1.1, A.2.1에 속하고, 2023년 5월부터 11월까지 국내 발생 MPXV는 리니지 C.1에 속하였다. 이는 해외에서 유입한 리니지 C.1의 MPXV가 국내 지역사회로 전파되고 있다는 가능성을 시사한다. 국내뿐 아니라 인접 국가인 일본, 중국, 대만에서 MPXV 리니지 C.1이 유행하고 있으므로 향후 국내에서 발

생하는 MPXV도 같은 리니지일 가능성이 높다.

이러한 결과는 국내 MPXV의 유전체 감시의 일부분이며 향후 감염병 대응 및 예방을 위한 유전정보의 기초자료로 활용될 것으로 기대된다. 특히, 액상 혼성화 시퀀싱의 도입은 MPXV의 효율적인 분석을 가능하게 하였으며 이는 미래에 발생할 수 있는 다양한 감염병에 대한 대응 전략을 개발하는 데 도움이 될 것이다.

또한 전장유전체 분석은 역학적으로 누락된 정보를 보완하고 이러한 미싱링크를 유전체적 유사성과 변이 패턴을 통해 간접적으로 파악이 가능하다. 특정 지역에서 발생한 감염 사례에서 비교유전체 분석을 실시함으로써 해외 유입된 병원체의 기원을 추정할 수 있으며, 또한 지역 사회 전파의 경우에는 지역 내 다른 환자들로부터 분리된 병원체의 유전적 유사성을 분석하여 공통된 감염 경로를 찾아낼 수 있다.

그러나 이 연구는 제한된 환자 수와 시간 범위 내에서 수행되었으며, 국내 및 국제적으로 발생 가능한 백신과 치료제에 대한 내성변이, 재조합이나 변이로 인한 병원성이나 감염성의 증가와 관련된 변이 등을 포함하여 MPXV의 다양한 변이를 다루지 못했다는 점에서 한계가 있다. 따라서 보다 많은 국내 MPXV에 대한 지역전파 클러스터 분석과 더불어 치료제에 대한 내성변이 추적, 유전자 재조합 및 변이에 따른 병원성과 감염성 분석 등의 추가적인 연구가 필요하며, 국제적인 협력을 통해 MPXV의 다양한 유전체와 변이에 대한 더 광범위한 이해를 도모할 필요가 있다. 이러한 연구는 전 세계적으로 언제든지 다시 발생할 수 있는 옴폭스 감염병의 대응 및 예방을 위해 신속한 병원체 진단, 백신 및 치료제 연구와 개발, 새로운 변이에 대한 긴급 대응 및 예방 전략 수립, 더 나은 전략을 제안하는 데 기여할 것으로 기대한다.

## Declarations

**Ethics Statement:** None.



**Funding Source:** None.

**Acknowledgments:** None.

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

**Author Contributions:** Conceptualization: YSC, CHC, MJL. Resources: MJL, JWK, CHC, HCS, MMC. Supervision: YSC. Writing – original draft: CHC, MJL. Writing – review & editing: all authors.

## References

1. World Health Organization. Disease Outbreak News: Monkeypox – United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland [Internet]. World Health Organization; 2022 [cited 2022 Nov 22]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON381>
2. Wenham C, Eccleston-Turner M. Monkeypox as a PHEIC: implications for global health governance. *Lancet* 2022;400:2169–71.
3. Mpox Incidence Report in South Korea [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2022 [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20108080000>
4. Characteristics of Confirmed Mpox Cases in South Korea [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2023 [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20108090000>
5. Acheson NH. *Fundamentals of molecular virology*. 2nd ed. Wiley; 2011.
6. Ulaeto D, Agafonov A, Burchfield J, et al. New nomenclature for mpox (monkeypox) and monkeypox virus clades. *Lancet Infect Dis* 2023;23:273–5.
7. 2022–23 Mpox (Monkeypox) Outbreak: Global Trends [Internet]. World Health Organization; 2023 [cited 2023 Nov 23]. Available from: [https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx\\_global/](https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/)
8. Hatcher EL, Zhdanov SA, Bao Y, et al. Virus Variation Resource – improved response to emergent viral outbreaks. *Nucleic Acids Res* 2017;45(D1):D482–90.
9. Wood DE, Lu J, Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biol* 2019;20:257.
10. Gurevich A, Saveliev V, Vyahhi N, Tesler G. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics* 2013;29:1072–5.
11. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Next-clade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. *J Open Source Softw* 2021;6:3773.
12. Nextstrain build for mpox virus [Internet]. GitHub; [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://github.com/nextstrain/mpox>
13. Mölder F, Jablonski KP, Letcher B, et al. Sustainable data analysis with Snakemake. *F1000Res* 2021;10:33.
14. Huddleston J, Hadfield J, Sibley TR, et al. Augur: a bioinformatics toolkit for phylogenetic analyses of human pathogens. *J Open Source Softw* 2021;6:2906.
15. Isidro J, Borges V, Pinto M, et al. Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. *Nat Med* 2022;28:1569–72. Erratum in: *Nat Med* 2022;28:2220–1.
16. Jang YR, Lee M, Shin H, et al. The first case of monkeypox in the Republic of Korea. *J Korean Med Sci* 2022;37:e224.

# Monkeypox Virus Genomic Analysis in the Republic of Korea: A Comparison of Metagenomic- and Probe Hybridization Capture Sequencing Methods

Chi-Hwan Choi, Minji Lee, Sang Eun Lee, Hwachul Shin, Myung-Min Choi, Jin-Won Kim, Hwajung Yi, Yoon-Seok Chung\*

Division of High-Risk Pathogens, Bureau of Infectious Disease Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

## ABSTRACT

Monkeypox virus (MPXV) whole-genome from specimens of individuals diagnosed with mpox in the Republic of Korea (ROK) between May 2022 and November 2023 was analyzed comprehensively. An infectious disease originating in Africa, mpox gained global significance after the first case was confirmed in the UK in May 2022, subsequently spreading worldwide. In the ROK, 155 infection cases were recorded, predominantly transmitted through close contact with symptomatic individuals. MPXV, consisting of approximately 197,000 base pairs of double-stranded DNA, encompasses approximately 191 genes consisting of inverted terminal repeats at both ends and a central conserved region. The virus is categorized as Clade I (Central African type) and Clade II (West African type), with Clade I and II reporting fatality rates of 1–10% and less than 1%, respectively. Two sequencing methods, metagenomic and hybridization capture sequencing, were used to perform a thorough whole-genome analysis. Compared to metagenomic sequencing, hybridization capture sequencing demonstrated superior efficiency in generating MPXV read sequences. The proportion of virus reads varied based on specimen type, informing the selection of targets for whole-genome analysis. Genomic phylogenetic analysis revealed that the MPXV in the ROK belonged to lineage C.1, indicating sustained domestic transmission and providing crucial insights for national and international responses to MPXV variants. This information will contribute to understanding infection pathways and improving strategies for disease response and prevention.

**Key words:** Monkeypox virus; Whole genome sequencing; Phylogenetic analysis

\*Corresponding author: Yoon-Seok Chung, Tel: +82-43-719-8270, E-mail: rollstone93@korea.kr

## Introduction

Monkeypox (Mpox), caused by the monkeypox virus (MPXV), was first discovered in monkeys in 1958, and the first human infection was identified in 1970. While Mpox was previously endemic in Central and West Africa, a British

person was confirmed to have been infected after traveling to Nigeria on May 6, 2022. This marked the beginning of an unusual outbreak in non-endemic areas, largely concentrated in Europe and North America [1]. After the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (the causative virus of coronavirus disease) in 2020, MPXV emerged as another potentially

## Key messages

### ① What is known previously?

Monkeypox virus, causing the infectious disease known as Mpox, has been globally prevalent since May 2022. The first domestic patient was identified as Clade IIb, lineage B.1.1.

### ② What new information is presented?

The monkeypox virus reported in the Republic of Korea in 2022 has been identified to belong to lineages B.1.1 and A.2.1. In contrast, monkeypox viruses confirmed from May to November 2023 were classified as Clade IIb, lineage C.1. This suggests the transmission of a virus introduced from abroad into the local community.

### ③ What are implications?

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has been consistently collecting and analyzing monkeypox virus genomic information from June 2022, the onset of the first case, to November 2023. Through this ongoing approach, the KDCA monitors new virus variants and transmission patterns. This scientific method enables the identification of various high-risk virus variants and transmission routes. Additionally, the obtained genomic information serves as foundational research material for infectious disease diagnosis, vaccine and therapeutic development, and supports evidence-based preventive measures and treatment strategies.

dangerous virus with global pandemic potential. This led the World Health Organization (WHO) to declare a Public Health Emergency of International Concern from July 2022 to May 2023, lasting approximately 10 months [2]. A report from the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) documented 155 cases of Mpox from June 2022 to November 2023 [3], with no fatalities. Transmission was primarily attributed to close contact with symptomatic individuals, with only one case linked to healthcare-associated exposure [4].

The MPXV's double-stranded DNA genome, approximately 197,000 base pairs long, encodes 191 genes flanked by inverted terminal repeats at both ends [5]. These repeats contribute to the circulation of the viral genome. The virus can be categorized into two distinct genotypes: the Central African (now Clade I) and the West African (now Clade II, with subclades a and b) [6]. Reported case fatality rates vary by genotype, with Clade I exhibiting a higher rate (1–10%) compared to Clade II (below 1%) [7]. Despite being the same virus species, these differences highlight the importance of clade identification through genome analysis after Mpox diagnosis, particularly for understanding domestic transmission patterns. As of November 2023, approximately 6,900 viral genomes have been deposited in the public genome database (Genbank), with over 6,354 added since May 2022 [8].

Advancements in next-generation sequencing (NGS) technologies have spurred worldwide efforts in genomic surveillance of Mpox. By rapidly analyzing the viral genome from Mpox-positive patients, scientists can identify and share crucial information about the virus's characteristics and epidemiology. This article details the methods and results of NGS-based whole-genome sequencing of MPXVs from Korean patients, proposing a novel genomic surveillance approach for continuous monitoring of circulating virus classification and mutation patterns within the country.

## Methods

In the Republic of Korea (ROK), viral whole-genome sequencing is performed using two methods: metagenomic sequencing and sequencing by hybridization capture. These sequencings were performed in a MiSeq NGS instrument

(Illumina, Inc.), and followed the general NGS workflow: DNA extracted from specimens was first prepared as a library (a collection of DNAs or RNAs) suitable for sequencing; this library was then processed on an NGS instrument to generate genome reads.

Metagenomic sequencing, employed in 2022, captures all DNA present in the patient sample, including both viral and host DNA. This method was used initially after isolating and culturing viruses from patient specimens. However, with the rising number of patients in 2023, a more targeted approach became necessary. Consequently, from 2023, hybridization capture which uses a specifically designed probe to target only the MPXV genome based on a reference sequence was employed. This probe, a small DNA fragment, binds to complementary sequences in the viral DNA, enhancing the library for viral sequences before sequencing.

## 1. Library Construction for Metagenomic Sequencing

A column-type QIAamp DNA blood mini kit from Qiagen was used to extract nucleic acids from patient specimens and viruses isolated from cultured cells. Extracted nucleic acids were then quantified and normalized using a Qubit 4 Fluorometer (Invitrogen).

For metagenomic sequencing, a MiSeq NGS instrument (Illumina, Inc.) was employed, and a library was constructed using approximately 100 to 500 ng of DNA. Bead-linked transposomes fragmented the DNA, followed by segmentation that introduced adapter sequences crucial for sequencing. Subsequent purification enriched the library with tagged DNA fragments.

Further, the tagged DNAs underwent an amplification

step with an index adapter (Illumina, 20091654) through polymerase chain reaction, which generated multiple copies and introduced unique barcodes for sample identification. This process facilitated the production of a library suitable for the sequencing instrument. Beads were used again to purify the amplified library. Finally, the library was assessed for concentration and fragment size using a Qubit 4 Fluorometer (Invitrogen) and a TapeStation (Agilent Technologies), which applies electrophotometric sensing technology, ensuring optimal quality for sequencing.

Approximately 10 pM of the library was used for sequencing. Throughout the library construction process, reagents from the Illumina DNA prep (M) Tagmentation Kit were used strictly per the manufacturer's protocol.

## 2. Library Construction for Hybridization Capture Sequencing

While metagenomic sequencing offers unbiased results by generating all DNA sequences from a specimen, it suffers from a low percentage of desired MPXV reads, leading to poor sequencing efficiency. To address this, we employed hybridization capture sequencing for its target enrichment.

Hybrid capture library construction incorporates an additional enrichment step. Similar to metagenomic sequencing, nucleic acid extraction, quantification, and normalization were performed using a QIAamp DNA blood mini kit (Qiagen) and Qubit 4 Fluorometer (Invitrogen), respectively. Compared to metagenomic sequencing, this method utilized a smaller quantity of DNA (10–100 ng) for library construction. The initial steps remained the same: DNAs fragmented by bead-linked transposomes were subjected to tagging to introduce the adapter sequence, and only tagged DNAs through purification

were amplified together with the index adapter (Illumina, 20091654).

The amplified library underwent purification, quantification, and normalization, followed by enrichment for hybridization capture sequencing. This step utilized the Viral Surveillance Panel (VSP) (Illumina Inc.), a pre-designed panel targeting probes for 60 viruses, including MPXV.

To capture MPXV using VSP, the amplified library was subjected to hybridization capture in a Thermo Cycler (Applied Biosystems) using a reaction mixture containing VSP, requiring precise temperature control at 58°C for 16 hours, adding one extra day to the library construction compared to metagenomic sequencing. Finally, the captured library was purified using magnetic beads, selectively extracting the hybridization-enriched portion.

The MPXV-enriched library underwent further amplification, purification, and quality assessment using a Qubit 4 Fluorometer (Invitrogen) and TapeStation (Agilent Technologies) that uses electrophotometric sensing technology. Approximately 9 pM of the final library was used for sequencing. All procedures followed the manufacturer's protocol for Illumina RNA Prep with Enrichment Tagmentation (20040536) reagents.

### 3. Whole-genome Sequencing and Assessments

The initial step in analyzing the whole-genome sequences involved removing host (hg19) sequences from the paired-end read sequences generated by the MiSeq NGS instrument, using Kraken2 [9]. CLC Genomics Workbench 20 (CGW) served as the primary platform for subsequent genome analysis, in which default values were used if there were no input parameter values. To ensure high-quality data, adapter sequences, and

low-quality reads with a Phred score (Q) below 30 were filtered out using a threshold of 0.001.

Next, CGW's resequencing function mapped the remaining reads to the reference genome (NC\_063383.1), and the *de novo* assembly function was used to assemble the sequences into contigs. A subsequent comparative analysis between the mapped reads and assembled contigs revealed any potential structural changes in the viral sequence, resulting in the final high-quality genome.

QUAST [10] was then employed to assess the completeness and accuracy of the assembled whole-genome sequences. Finally, NextClade [11] software assigned the final clades and identified specific mutations within the viral genome sequenced.

To understand the relationship of the newly sequenced virus with other global MPXV strains, we utilized the Nextstrain [12] analysis pipeline. This powerful platform integrates various tools, such as Snakemake [13] and Augur [14], into a streamlined workflow for phylogenetic analysis. The analysis results were then visualized using auspice. In addition, a specific mutation profile tool was employed [15] to investigate potential mutations (TC→TT, or GA→AA), particularly those induced by the enzyme Apobec3.

## Results

The metagenomic sequencing and hybridization capture sequencing methods, as summarized in Table 1, produced different amounts of NGS read sequences. Metagenomic sequencing yielded less than 10% of MPXV read sequences, whereas hybridization capture sequencing achieved over 90%. While this approach significantly increases the representation of

**Table 1.** Comparison of viral genomic reads depend on metagenomic sequencing and hybridization capture sequencing methods by samples

ID	Sample (CT value <sup>a</sup> )	Metagenomic sequencing		Hybridization capture-based sequencing	
		Viral genomic reads ratio <sup>b</sup>	Genome coverage <sup>c</sup> / depth of coverage <sup>d</sup>	Viral genomic reads ratio <sup>b</sup>	Genome coverage <sup>c</sup> / depth of coverage <sup>d</sup>
MPXV- ROK-P002-2022	Oropharyngeal swab (34.81)	0.5% (123,258/21,578,224)	65%/12X	83% (248,504/297,732)	100%/166X
MPXV- ROK-P003-2022	Skin lesion (23.11)	5% (241,032/4,282,341)	100%/225X	98% (13,562,486/13,826,110)	100%/8,860X
MPXV- ROK-P003-2022	Crust (26.35)	11% (602,146/5,616,046)	100%/600X	N/A	N/A
MPXV- ROK-P003-2022	Oropharyngeal swab (27.53)	0.7% (34,894/4,919,884)	99%/10X	N/A	N/A

<sup>a</sup>CT value (cycle threshold)=The CT value primarily indicates the quantity of DNA or RNA for a specific gene, with lower CT values indicating a higher quantity of the gene or target in the test sample. <sup>b</sup>Virus read ratio=The ratio is calculated as the number of read sequences corresponding to the virus genome (viral genomic reads) divided by the total produced read sequences (total genomic reads), multiplied by 100. <sup>c</sup>Genome coverage=The ratio of read sequences covering the entire virus genome. <sup>d</sup>Depth of Coverage=An indicator of how many read sequences, on average, overlap at specific locations in the genome.

MPXV reads, it involves a longer library construction time and higher cost due to the additional enrichment step compared to metagenomic sequencing.

The data also revealed that the number of viral NGS reads produced for each type of specimen decreases as the number of input specimens increases. Consequently, the relative proportion of viral reads among the total reads follows a specific order, with scab specimens having the highest proportion, followed by, skin lesions, oropharyngeal smears, and blood. Notably, variations in the number of viral NGS reads can also be influenced by the viral load present in each specimen. This aligns with previous reports suggesting that the amount of virus detected in specimens sampled from different body areas of patients varies considerably [16]. These findings underscore the importance of collecting multiple specimens from different body sites to ensure accurate diagnosis and comprehensive analysis of viral infections.

Based on the previous results, whole-genome sequencing

initially focused on scab and skin lesion specimens, where high virus levels were identified. For these, the hybridization capture sequencing method was chosen for its enhanced efficiency in targeting MPXV. Between June and November 2022, 105 specimens from positive patients underwent whole-genome sequencing. Of these, 30 complete genomes were released to the public database (Table 2).

A genome lineage analysis using NextClade revealed that all reported whole genomes in the ROK belonged to lineages B.1.1, A.2.1, and C.1 of Clade Iib, which were dominant worldwide. Notably, all viruses collected in 2023 belonged to lineage C.1. A genome taxonomic analysis using Nextstrain also confirmed the above results.

Additionally, CGW software was used to compare the whole genomes to the reference sequence (NC\_063383.1) for mutation analysis. This analysis identified mutations in 74–86 nucleotides and 28–41 amino acids. Interestingly, 80% of these mutations were attributed to the APOBEC3 enzyme.



**Table 2.** List of MPXV Genomes in GenBank

ID	Collection Date	Clade	Lineage	Genbank accession number
MPXV-ROK-P1-2022	2022-06-22	IIb	B.1.1	OP204857
MPXV-ROK-P002-2022	2022-09-02	IIb	B.1.1	OR459775
MPXV-ROK-P003-2022	2022-11-15	IIb	A.2.1	OR459776
MPXV-ROK-P004-2022	2022-11-22	IIb	A.2.1	OR459777
MPXV-ROK-P005-2023	2023-03-13	IIb	C.1	OR459778
MPXV-ROK-P006-2023	2023-04-06	IIb	C.1	OR459779
MPXV-ROK-P007-2023	2023-04-10	IIb	C.1	OR459780
MPXV-ROK-P008-2023	2023-04-11	IIb	C.1	OR459781
MPXV-ROK-P009-2023	2023-04-12	IIb	C.1	OR459782
MPXV-ROK-P010-2023	2023-04-13	IIb	C.1	OR459783
MPXV-ROK-P011-2023	2023-04-14	IIb	C.1	OR459784
MPXV-ROK-P012-2023	2023-04-15	IIb	C.1	OR459785
MPXV-ROK-P013-2023	2023-04-15	IIb	C.1	OR459786
MPXV-ROK-P014-2023	2023-04-17	IIb	C.1	OR459787
MPXV-ROK-P015-2023	2023-04-18	IIb	C.1	OR459788
MPXV-ROK-P016-2023	2023-04-18	IIb	C.1	OR459789
MPXV-ROK-P017-2023	2023-04-18	IIb	C.1	OR459790
MPXV-ROK-P018-2023	2023-04-18	IIb	C.1	OR459791
MPXV-ROK-P019-2023	2023-04-19	IIb	C.1	OR459792
MPXV-ROK-P020-2023	2023-04-19	IIb	C.1	OR459793
MPXV-ROK-P021-2023	2023-04-21	IIb	C.1	OR459794
MPXV-ROK-P022-2023	2023-04-21	IIb	C.1	OR459795
MPXV-ROK-P024-2023	2023-04-21	IIb	C.1	OR459796
MPXV-ROK-P026-2023	2023-04-22	IIb	C.1	OR459797
MPXV-ROK-P027-2023	2023-04-22	IIb	C.1	OR459798
MPXV-ROK-P028-2023	2023-04-22	IIb	C.1	OR459799
MPXV-ROK-P029-2023	2023-04-23	IIb	C.1	OR459800
MPXV-ROK-P030-2023	2023-04-23	IIb	C.1	OR459801
MPXV-ROK-P032-2023	2023-04-25	IIb	C.1	OR459802
MPXV-ROK-P033-2023	2023-04-25	IIb	C.1	OR459803
MPXV-ROK-P034-2023	2023-04-25	IIb	C.1	OR459804

Clade=A group of organisms that evolved from a common ancestor. In the case of MPXV, the Congo-Basin virus from Central Africa region is classified as Clade I, and viruses from the South Africa region form Clade II. Lineage=A group of viruses with genetically close relations derived from a common ancestor. Further categorized into Clades, Subclades, and Lineages. In the case of MPXV, identified as A.1, B.1, C.1, and so forth; GenBank Accession Number=The accession number assigned by the public genomic database (GenBank); MPXV=monkeypox virus.

Importantly, no mutations were detected in the *A38R* and *F3L* gene regions used for Mpox diagnosis by the KDCA, indicating no adverse effect on its diagnosis.

## Discussion

This study successfully employed NGS and bioinformatic analysis to unravel the whole-genome information of MPXV in patient specimens collected from May 2022 to November



2023 in the ROK. Hybridization capture sequencing significantly enhanced the yield of MPXV reads.

Whole-genome sequencing revealed that MPXV introduced from other countries in 2022 belonged to lineages B.1.1 and A.2.1, while those isolated within the ROK from May to November 2023 belonged exclusively to lineage C.1. This suggests the potential for lineage C.1 transmission from external sources into local communities in the ROK. Furthermore, the dominance of lineage C.1 not only in the ROK but also in neighboring countries like Japan, China, and Taiwan, implies a high likelihood of this lineage becoming the prevalent strain in the ROK in the future.

These findings contribute significantly to genomic surveillance efforts for MPXV in the ROK, and are expected to serve as crucial data for future disease prevention and response strategies. Notably, the implementation of hybridization capture sequencing demonstrates an efficient approach for MPXV analysis, with potential application for developing response measures against a broader range of infectious diseases in the future.

Furthermore, whole-genome sequencing offers a unique ability to fill in missing pieces of epidemiological data. By analyzing genome similarities and mutation patterns, we can indirectly identify potential missing links in transmission chains. For example, comparing genomes from infected cases within a specific region can help us to identify the likely origin of the pathogens and trace potential routes of community transmission through shared genetic signatures.

However, this study has certain limitations. This study was conducted with a relatively small number of patients and within a limited timeframe. Additionally, it did not address several potentially crucial aspects of MPXV mutations, including those

related to vaccine or drug resistance in the ROK and abroad, or those responsible for increased pathogenicity or infectivity through recombination or mutation. Future research efforts should prioritize these areas, including tracking drug-resistant mutations, conducting local transmission cluster analysis with a larger patient pool, and investigating pathogenicity and infectivity changes linked to gene recombinations and mutations. Moreover, broader international collaboration is vital for a more comprehensive understanding of MPXV genomic diversity and mutation patterns. With the potential for renewed global Mpox outbreaks in mind, such studies can have far-reaching implications for rapid pathogen identification, vaccine and drug development, emergency response and prevention strategies for new mutations, and ultimately, the formulation of more effective control measures.

## Declarations

**Ethics Statement:** None.

**Funding Source:** None.

**Acknowledgments:** None.

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

**Author Contributions:** Conceptualization: YSC, CHC, MJL. Resources: MJL, JWK, CHC, HCS, MMC. Supervision: YSC. Writing – original draft: CHC, MJL. Writing – review & editing: all authors.

## References

1. World Health Organization. Disease Outbreak News; Monkeypox – United Kingdom of Great Britain and

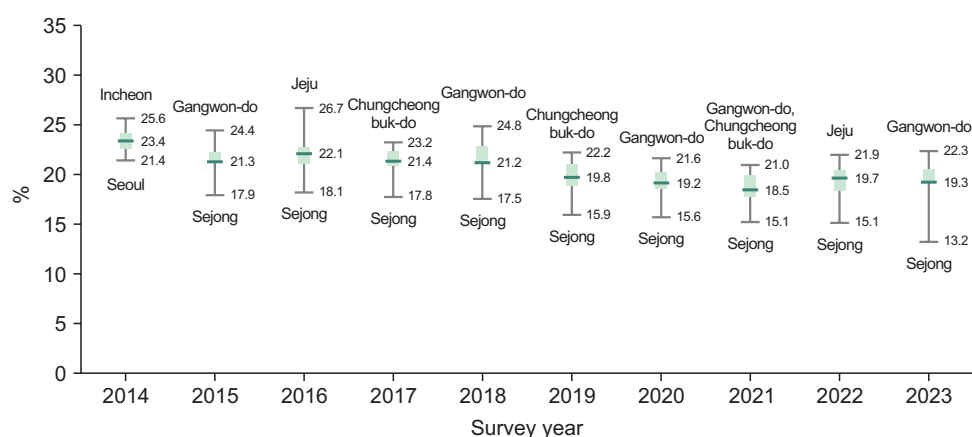
- Northern Ireland [Internet]. World Health Organization; 2022 [cited 2022 Nov 22]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON381>
2. Wenham C, Eccleston-Turner M. Monkeypox as a PHEIC: implications for global health governance. *Lancet* 2022;400:2169-71.
3. Mpox Incidence Report in South Korea [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2022 [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20108080000>
4. Characteristics of Confirmed Mpox Cases in South Korea [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2023 [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://www.kdca.go.kr/contents.es?mid=a20108090000>
5. Acheson NH. *Fundamentals of molecular virology*. 2nd ed. Wiley; 2011.
6. Ulaeto D, Agafonov A, Burchfield J, et al. New nomenclature for mpox (monkeypox) and monkeypox virus clades. *Lancet Infect Dis* 2023;23:273-5.
7. 2022-23 Mpox (Monkeypox) Outbreak: Global Trends [Internet]. World Health Organization; 2023 [cited 2023 Nov 23]. Available from: [https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx\\_global/](https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/)
8. Hatcher EL, Zhdanov SA, Bao Y, et al. Virus Variation Resource – improved response to emergent viral outbreaks. *Nucleic Acids Res* 2017;45(D1):D482-90.
9. Wood DE, Lu J, Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biol* 2019;20:257.
10. Gurevich A, Saveliev V, Vyahhi N, Tesler G. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics* 2013;29:1072-5.
11. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. *J Open Source Softw* 2021;6:3773.
12. Nextstrain build for mpox virus [Internet]. GitHub; [cited 2023 Nov 23]. Available from: <https://github.com/nextstrain/mpox>
13. Mölder F, Jablonski KP, Letcher B, et al. Sustainable data analysis with Snakemake. *F1000Res* 2021;10:33.
14. Huddleston J, Hadfield J, Sibley TR, et al. Augur: a bioinformatics toolkit for phylogenetic analyses of human pathogens. *J Open Source Softw* 2021;6:2906.
15. Isidro J, Borges V, Pinto M, et al. Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. *Nat Med* 2022;28:1569-72. Erratum in: *Nat Med* 2022;28:2220-1.
16. Jang YR, Lee M, Shin H, et al. The first case of monkeypox in the Republic of Korea. *J Korean Med Sci* 2022;37:e224.



## QuickStats

# Trends in the Prevalence Gap of Current Smoking between Cities or Provinces, During 2014–2023

In 2023, the age-standardized prevalence of current smoking among individuals aged  $\geq 19$  years was the lowest in Sejong-si (13.2%) and the highest in Gangwon-do (22.3%). The prevalence gap of current smoking between the highest and lowest was 9.1%p, which increased from 6.8%p in 2022 to 9.1%p in 2023 (Figure 1).



**Figure 1.** Trends in current smoking rate between cities or provinces, 2014–2023

\*Current smoking rate: Defined as the percentage of individuals (aged  $\geq 19$  years) who have smoked  $\geq 5$  packages (100 cigarettes) during their lifetime and currently smokes “everyday” or “sometimes”.

†Prevalence rates in Figure 1 were age-standardized using the 2005 projected population.

**Source:** Korea Community Health at a Glance 2023: Korea Community Health Survey (KCHS), <https://chs.kdca.go.kr/>

**Reported by:** Division of Chronic Disease Coordination, Bureau of Chronic Disease Prevention and Control, Korea Disease Control and Prevention Agency