

국내 수인성 · 식품매개감염병 병원체감시(Enter-Net)에 따른 병원성대장균의 현황, 2010~2019

질병관리청 감염병진단분석국 세균분석과 윤영선, 김난옥, 홍사현, 전정훈, 황규잠*

*교신저자 : kyuhwang61@korea.kr, 043-719-8110

초 록

병원성대장균은 사람에게 복통, 설사, 장염, 용혈성요독증후군, 패혈증, 뇌막염 등을 일으키는 원인병원체로, 법정감염병으로 관리되고 있다. 수인성·식품매개감염병 대응에 필요한 정보 공유를 위해 2010~2019년 동안 병원체감시(Enter-Net) 사업을 통해 수집·분리된 병원성대장균을 대상으로 유행양상 및 원인병원체의 특성을 분석하였다. 총 병원성대장균은 6,485주로 국내발생 5,785주(89.2%)와 해외유입분리 700주(10.8%)로 구성되며, 세부분류는 장병원성대장균 3,921주(60.5%)로 가장 많았고 장독소성대장균 2,025주(31.2%), 장출혈성대장균 438주(6.8%), 장침입성대장균 101주(1.5%) 순이었다. 장독소성대장균 중 556주(27.5%)는 해외유입으로 분리된 것으로 검역을 통한 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 판단된다. 병원성대장균의 분리시기로는 여름철인 6~9월의 분리율이 전체의 61.7%를 차지하였으며, 9세 이하 어린이(37.9%)에서 가장 많이 발생하는 것으로 나타났다. 특히, 장출혈성대장균은 9세 이하의 분리율이 51.7%로, 다른 대장균에 비해 높은 비중을 차지했다. 병원성유전자 검출을 분석 결과, 각 병원성 대장균별 주요 유전자는 장출혈성대장균 *stx1*(45.7%), 장병원성대장균 *eaeA*(97.4%), 장독소성대장균 *st*(53.4%), 장침입성대장균 *ipaH*(100.0%) 유전자인 것으로 분석되었다. 장출혈성대장균은 시가독소 유전자와 *eaeA*를 동시에 보유하고 있는 경우는 57.5%였다. 장출혈성대장균의 O항원은 총 68종으로 분류되었고, 주요 혈청형은 O157(17.1%), O103(12.8%), O26(8.0%), O111(5.0%), O91(4.1%), O8(3.0%), O108(2.3%)로 나타났다. 다른 나라들과 비교 시, 국내 분리 주요 O혈청형 구성은 유사하나, O8과 O108은 국내에서 분리됨을 확인하였다. O157의 분리율은 2010년 42%대에서 점차적인 감소를 보여 10년 평균 17.1%로 선진국에 비해 낮은 분리율을 나타냈으나, 식생활이 서구화되고 있는 만큼 혈청형 변화를 지속적으로 감시해나갈 필요가 있다. 10년간의 수인성·식품매개감염병 병원체감시를 통하여 원인병원체의 다양한 특성을 분석하였고 국내 병원성대장균종의 중장기적 유행 양상 등의 정보를 제공하였다. 수인성·식품매개감염병 예방관리 대응을 위해 병원체감시는 지속적으로 개선수행 되어야 할 것이다.

주요 검색어 : 병원성대장균, 수인성·식품매개감염병 병원체감시, 장출혈성대장균, 장병원성대장균, 장독소성대장균, 장침입성대장균

들어가는 말

병원성대장균은 사람에게 복통, 설사, 장염, 용혈성요독증후군, 요로감염, 패혈증, 뇌막염 등을 일으키며, 법정감염병으로 관리되고 있다[1]. 병원성대장균은 장출혈성대장균/시가독소생산대장균(Enterohemorrhagic *E. coli*, EHEC/Shiga toxin-producing *E. coli*, STEC), 장병원성대장균(Enteropathogenic

E. coli, EPEC), 장독소성대장균(Enterotoxigenic *E. coli*, ETEC), 장침입성대장균(Enteroinvasive *E. coli*, EIEC) 4종으로 구분된다.

장출혈성대장균은 1982년 미국에서 발생한 혈변과 복통 증상을 보인 환자에게서 처음 확인되었으며, 주요 증상은 수양성 설사(쌀뜨물 같은 설사)와 출혈성 대장염(Hemorrhagic colitis, HC), 용혈성요독증후군(Hemolytic uremic syndrome, HUS), 말기신부전(End-stage renal disease, ESRD) 등

이다. 장병원성대장균은 개발도상국에서 유아(infant) 설사의 주요 원인균으로 심한 급성 물 설사(Severe acute watery diarrhea)가 지속되며, 발열, 구토, 탈수증 등의 증상을 나타낸다. 장독소성대장균은 여행객들의 설사를 유발하는 주요 원인이며, 특히 저소득 국가의 어린이들 사이에 급성 묽은 설사(Acute watery diarrhea)를 유발하는 주요 원인균이며, 장침입성대장균은 이질성 증후군(dysentery-like syndrome)과 유사한 유혈 설사(bloody diarrhea)증상을 유발한다고 알려져 있다[2-4].

병원성대장균은 생화학검사와 함께 중합효소연쇄반응(PCR)을 이용하여 병원성 유전자를 확인하고 있다. 장출혈성대장균의 병원성 인자는 시가독소(shiga toxin, Stx)이며, 균에 따라 *Stx1* 또는 *Stx2*를 가지거나 두 가지 모두 가진다. *Stx1*과 *Stx2*는 유사한 세포 독성기작을 보이지만, HUS와 같은 증상 발생에는 *Stx1* 보다 *Stx2*의 관련이 많다고 보고되고 있다[5,6]. 장병원성대장균은 부착 유전자인 *fimbriae(bfpA)*와 외막단백질인 *intimin(eaeA)* 유전자를 검출하여 구분한다. *eaeA* 유전자는 시가독소유전자(*stx*)와 동시에 검출되면 장출혈성대장균으로 분류하며 시가독소유전자만 보유하고 있는 경우보다 병원성이 더 강해진다고 보고되어 있다[7,8]. 장독소성대장균은 이열성 독소(Heat-Labile Toxin, LT) 또는 내열성 독소(Heat-Stable Toxin, ST)를 가지며, 장침입성대장균은 장점막에 침입하기 위하여 세포를 용해하는 *Ipa* 단백질 유전자 유무로 확인하고 있다.

수인성·식품매개감염병 병원체감시사업(Enter-Net)은 질병관리청 주관으로, 시·도 보건환경연구원, 국립검역소, 전국 의료기관(69~106개)의 연계로 국내 수인성·식품매개감염병

병원체(세균 10개속, 바이러스 5종, 원충 4종)를 대상으로 감염환자 검체를 수집하여 원인병원체 유행양상 및 특성을 분석하여 감염병 예방관리 계획 수립에 필요한 정보 제공을 목적으로 하고 있다. 이 글에서는 수인성·식품매개감염병 원인병원체 중, 병원성대장균의 발생 경향, 병원성 유전자 및 혈청형 등의 특성을 분석한 결과를 제공하여 수인성·식품매개 감염병 예방 관리에 기여하고자 하였다.

몸 말

최근 10년간 수인성·식품매개감염병 병원체 감시(Enter-Net)를 통해 수집한 분변 검체를 대상으로 선택감별 배양 및 생화학적 분석을 통하여 병원성대장균을 분리·동정한 후 그 결과를 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업 자료로 분석하였다. 분변 검체는 수인성·식품매개감염병의 주요 증상인 설사(하루 3회 이상의 묽은 배변), 구토(소화관 내용물을 입으로 강하게 배출하는 경우), 발열(구강 체온이 37.8°C 이상) 등의 증상이 발생한 직후 채취하거나 최소한 48시간 내(항균제를 처치하기 전)에 채취한 분변 또는 렉탈수압 검체로부터 확보하였다.

최근 10년간 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)을 통해 수집한 병원성대장균은 총 6,485건으로 국내 발생은 5,785건(89.2%)이었고, 해외 유입은 700건(10.8%)이었다. 국내 발생의 경우, 장병원성대장균은 3,921주(60.5%)로 가장 많이 수집되었고, 장독소성대장균은 2,025주(31.2%), 장출혈성대장균은 438주(6.8%), 그리고 장침입성대장균은 101주(1.6%)로 구분

표 1. 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)을 통해 분리된 병원성대장균의 분리현황, 2010~2019

유입 구분	병원체 분리 수 (%)				
	전체	장출혈성대장균	장병원성대장균	장독소성대장균	장침입성대장균
국내 발생	5,785 (89.2)	414 (94.5)	3,855 (98.3)	1,469 (72.5)	47 (46.5)
해외 유입	700 (10.8)	24 (5.5)	66 (1.7)	556 (27.5)	54 (53.5)
총 합	6,485 (100.0)	438 (100.0)	3,921 (100.0)	2,025 (100.0)	101 (100.0)
		(6.8%)	(60.5%)	(31.2%)	(1.5%)

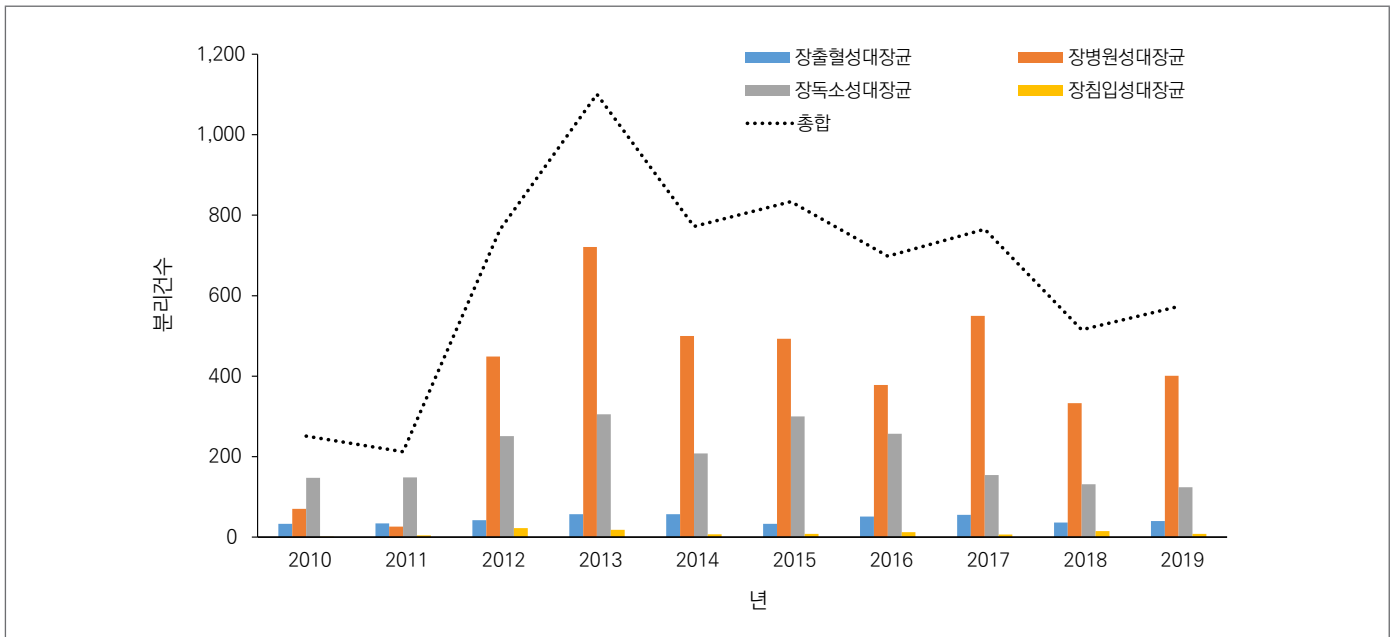


그림 1. 수인성·식품매개 병원체감시사업(Enter-Net)을 통해 분리된 병원성대장균의 연도별 분리건수, 2010~2019

되었다. 반면, 해외유입은 장독소성대장균이 556주(79.5%)로 가장 많았고, 장병원성대장균 66주(9.4%), 장침입성대장균 54주(7.7%), 장출혈성대장균 24주(3.4%) 순으로 나타났다(표 1). 해외로부터 유입된 병원성대장균은 주로 중국, 캄보디아, 라오스, 베트남 및 필리핀 등으로 대부분 아시아지역 여행객으로부터 분리되었다. 장독소성대장균은 중국(18.3%)과 캄보디아(17.8%) 여행객에서 주로 분리되었고, 장병원성대장균은 중국(25.0%)과 라오스(21.2%), 장침입성대장균은 캄보디아(27.8%)와 필리핀(25.9%), 장출혈성대장균은 필리핀(50.0%)과 중국(25.0%) 등이 주요 유입국이었다.

2010년부터 2019년까지 병원성대장균의 분리경향은 그림 1과 같다. 병원성대장균의 총 건수는 2011년 212건에서 2012년 764건으로 급증한 후 연간 700여건 전후로 분리되는 추세이다. 세부 병원체별로는 장출혈성대장균은 매년 33~57건으로 지속적으로 분리되었으며, 장병원성대장균은 2012년 법정감염병으로 지정되기 이전에는 연간 26~70건으로 분리되었으나, 2013년 721건으로 가장 높게 분리된 이후, 점차적인 감소경향을 나타내었다. 장독소성대장균과 장침입성대장균은 매년 각각 200여건과 10여건 전후로 꾸준히 분리되는 경향을 보였다.

병원성대장균의 계절별 분리경향은 하절기가 시작되는 6월부터 증가하여 9월까지 지속되는 계절성을 보였으며, 이 기간 중 전체의 61.7%가 발생했다(그림 2A). 세부 병원체별로는 장출혈성대장균 7월(27.0%), 장병원성대장균 7월(19.6%), 장독소성대장균 8월(23.5%)에 가장 많은 분리율을 보였다. 장침입성대장균의 경우, 다른 병원성대장균과 달리 해외 입국자가 증가한 2월(20.2%)에 가장 높았다.

병원성대장균의 연령별 분리율은 0~9세의 연령대(37.0%)에서 가장 높은 비중을 차지하고 있었고, 30~39세의 연령대(5.9%)에서 가장 낮은 비율을 차지하였다(그림 2B). 0~9세 연령대에서 분리율이 높은 것은 영유아의 면역성이 낮은 점과 단체 급식과도 관계가 있을 것으로 예상된다. 특히, 장출혈성대장균은 9세 이하의 분리율이 51.7%(≤4세 35.3%; 5~9세 16.4%)로 분석됐으며, 4세 이하의 영·유아는 용혈성요독증후군(HUS)에 취약계층인 것으로 보고되고 있어 각별한 주의가 필요하다. 다른 병원성대장균과는 다르게 장침입성대장균은 70대 이상(21.9%), 60대(18.8%), 50대(12.5%) 순으로 나타나, 연령이 높을수록 취약한 것으로 분석됐다.

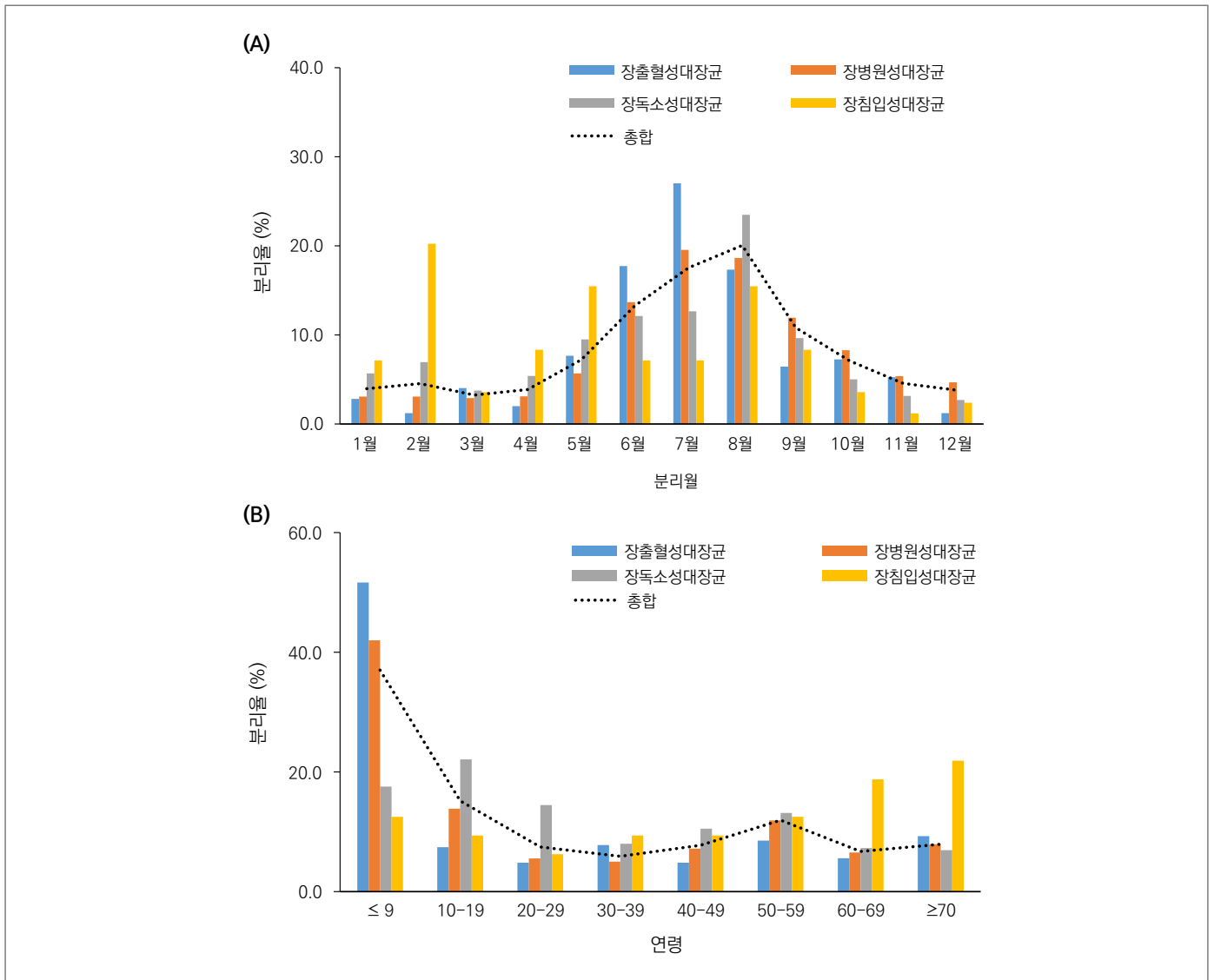


그림 2. 수인성·식품매개 병원체감시사업(Enter-Net)을 통해 분리된 병원성 대장균의 월별(A) 및 연령별(B) 분리율, 2010~2019

표 2. 수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)을 통해 분리된 병원성대장균의 병원성 유전자 유형, 2010~2019

병원성유전자	병원체 분리수(%)			
	장출혈성대장균	장병원성대장균	장독소성대장균	장침입성대장균
<i>stx1</i>	200 (45.7)			
<i>stx2</i>	123 (28.1)			
<i>stx1+stx2</i>	115 (26.3)			
<i>eaA</i> (atypical)		3,818 (97.4)		
<i>bfpA</i> (typical)		8 (0.2)		
<i>eaeA+bfpA</i> (typical)		95 (2.4)		
<i>lt</i>			407 (20.1)	
<i>st</i>			1,081 (53.4)	
<i>lt+st</i>			537 (26.5)	
<i>ipaH</i>				101 (100.0)

표 3. 수인성 · 식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)을 통해 분리된 장출혈성대장균의 연도별 혈청형 분리수, 2010~2019

순위	혈청형	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	총합 (%)
1	O157	14	5	4	14	14	6	7	2	7	2	75 (17.1)
2	O103	4	2	10	10	3	4	5	5	9	4	56 (12.8)
3	O26	4	1	6	1	4	4	4	3	3	5	35 (8.0)
4	O111	1	1	7	3	2	1	2	5		1	22 (5.0)
5	O91	1	7		5	2	1	1	1			18 (4.1)
6	O8	2		2	1				3	2	3	13 (3.0)
7	O108				1		1	4	3	1		10 (2.3)
8	O174				3	1	1	1		1	2	9 (2.1)
9	O162						3		3		2	8 (1.8)
10	O146				2	1	1	1		1		6 (1.4)
	ONT*	2	5	5	10	17	6	12	17		1	75 (17.1)
	기타**	5	14	8	9	14	6	14	12	12	19	111 (25.3)
	총합	33	34	42	57	57	33	51	55	36	40	438 (100)

*: O antigen non-typeable (ONT)은 항활상을 이용한 응집법에 의해 분석이 되지 않는 것을 의미한다.

**: O1, O2, O3, O6, O11, O12, O14, O15, O18, O21, O22, O39, O55, O57, O58, O61, O66, O70, O76, O77, O78, O81, O82, O83, O85, O86, O87, O90, O97, O104, O106, O113, O115, O117, O118, O121, O123, O124, O125, O126, O127, O128, O130, O140, O141, O145, O150, O153, O156, O159, O165, O167, O168, O169, O171, O172, O178, O179

병원성대장균의 병원성 유전자 검출율을 분석한 결과(표 2), 장출혈성대장균은 *stx1*(47.5%), *stx2*(28.1%), *stx1+stx2*(26.3%) 순으로 나타났다. 이 중 *stx2*는 용혈성요독증후군(HUS)과 같은 증상 발현과 관련이 있는 유전자로, 국내 장출혈성대장균의 54.3%(≤4세 16.4%; 5~9세 8.9%; ≥10세 29.0%)가 보유하고 있는 것으로 분석됐다. 또한 장출혈성대장균은 시가독소 유전자와 *eaeA*를 동시에 보유하고 있는 경우는 57.5%였다. 시가독소와 *eaeA*를 동시에 보유하는 장출혈성대장균은 시가독소만을 갖는 장출혈성대장균보다 병원성이 큰 것으로 알려져 있어 주의가 필요하다[9,10]. 장병원성대장균의 경우, typical EPEC(*bfpA+*)는 103주(2.6%)였으며, atypical EPEC(*bfpA-*, *eaeA+*)는 3,818주(97.4%)로 대부분을 차지하였다. 장병원성대장균은 typical EPEC는 개발도상국에서 주로 발생하고, atypical EPEC는 주로 선진국에서 집단발생을 야기하는 것으로 보고되고 있으며, 이 결과는 국내와 일치하는 것으로 나타났다[11]. 국내에서 분리된 장독소성대장균은 *st*(53.4%), *lt+st*(26.5%), *lt*(20.1%) 순으로 나타나, 장독소성대장균의 79.1%가 내열성독소 유전자인 *st*를 가지고 있는 것으로 분석됐다.

장출혈성대장균의 혈청형은 집단 발생 빈도와 병원성의 분류에 이용되어, 미국, 유럽, 캐나다, 일본에서는 감시시스템을 통해 혈청형정보를 제공하고 있다. 지난 10년(2010~2019년)간 국내와 해외여행객으로부터 분리된 장출혈성 대장균 438주를 대상으로 O항원을 분석하였다(표 3). 장출혈성대장균의 O항원은 총 68가지로 분류되었고, 주요 혈청형은 O157(17.1%), O103(12.8%), O26(8.0%), O111(5.0%), O91(4.1%), O8(3.0%), O108(2.3%)로 이들 일곱 개 혈청형이 전체 분리주의 52.3%(229/438)를 차지했다. 주요 혈청형 대부분(O157, O103, O26, O111, O91)은 미국, 유럽, 호주, 캐나다, 일본 등에서 매년 상위 10위권 안에 해당하는 주요 혈청형이었으며, O8과 O108은 한국에서만 상위권을 나타냈다[12-16]. 10년간의 혈청형별 변화를 살펴보면, O157의 분리율은 2010년 42.4%에서 2019년 5.0%로 점진적인 감소를 나타냈으나, 꾸준히 상위권을 유지했다. O157의 최근 3년(2017~2019년)동안 평균 분리율은 9.4%로 다른 선진국(미국 44.0%; 유럽 41.0%; 캐나다 68.0%; 호주 58.0%; 일본 56.0%)에 비해 낮은 편이나, 식생활이 서구화되고 있는 만큼 혈청형 변화를 지속적으로 감시해나갈 필요가 있다. O103과 O26은 매년

꾸준히 분리되고 있는 균주로, 최근 3년(2017~2019년) 동안 분리율 1위를 나타냈다.

맺는 말

수인성·식품매개감염병 병원체 감시사업(Enter-Net)으로 국내 설사 유발의 주요 원인균인 병원성대장균에 대하여 지난 10년(2010~2019년) 동안 수집분리 된 균을 대상으로 분석하였다. 분리 병원성대장균은 장병원성대장균이 가장 많았으며, 장독소성대장균, 장출혈성대장균, 장침입성대장균 순이었다. 이 중 장독소성대장균은 해외유입이 많아 검역을 통한 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 판단된다. 분리시기로는 4종의 병원성대장균은 평균적으로 여름철인 6~9월 사이의 분리율이 가장 높았으나, 병원성대장균에 따라 약간의 차이를 나타내어 장출혈성대장균과 장병원성대장균은 7월에 장독소성대장균은 8월에 정점을 나타내었다. 연령대별로는 4종의 병원성대장균은 평균적으로 9세 이하 어린이에서 가장 높게 발생했으며, 장침입성대장균의 경우는 60대 이상에서 높은 비율을 나타내었다. 국내에서 분리되는 장출혈성대장균의 혈청형은 지난 10년 동안 O157의 분리율이 점진적으로 감소하고 2017년부터는 O103이 O157 보다 많이 분리되고 있다. 다른 선진국과 비교해 보면, 국내 분리 주요 혈청형은 선진국과 유사하나, O157의 분리율은 지난 10년간 점진적인 감소를 보여 선진국에 비해 낮은 분리율을 나타내었다.

본고를 통해 분석한 바와 같이 병원성대장균 4종은 균종에 따라 국내 발생, 해외유입에 차이를 나타내고 발생 시기 및 환자의 연령대에 따라 차이를 나타내고 있다. 특히 장출혈성 대장균의 경우, 혈청형이 지속적으로 변화되고 있으며, 최근 주요 혈청형에 의한 집단 발병이 보고되고 있는 실정이다. 수인성·식품매개질환 원인 병원체별, 계절별, 연령별 유행 감시 정보 및 병원체 특성 감염병을 관리하고 조절하기 위한 주요 정보이다. 따라서 지속적인 병원체감시를 통하여 원인병원체를 확인하고 병원체의 다양한 특성 분석으로 병원체의 장기적인 유행양상 및 감염병 예방 관리에 필요한 과학적 정보를 지속적으로 제공하여야 할 것으로 여겨진다.

① 이전에 알려진 내용은?

국내 수인성·식품매개감염병 병원체 감시(Enter-Net)에 따르면 병원성대장균이 세균성 병원체중 가장 높은 분리율을 보였다. 주로 여름철인 6~9월 사이에 가장 높은 분리율을 보이며, 면역력이 약한 9세 이하의 영·유아와 노인이 취약한 것으로 알려져 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

병원성대장균 4종은 균종에 따라 국내 발생, 해외유입, 환자의 연령대에 따라 차이를 나타내었다. 병원성 대장균이 가지고 있는 병원성 유전자의 주요 유형을 새롭게 확인했으며 잠재적 위험을 예측했다. 장출혈성 대장균의 경우, 혈청형이 지속적으로 변화되고 있음을 확인하였으며, 국내에 특징적인 주요 혈청형을 파악 할 수 있었다.

③ 시사점은?

병원성대장균의 예방관리 대응에 필요한 과학적 정보를 지속적으로 제공하며 보다 체계적으로 관리되는 국가차원의 지속적인 병원체감시 시스템 운영이 필요하다.

8. Kaper JB, Elliott S, Sperandio V, Perna NT, Mayhew GF, Blattner FR, Attaching and effacing intestinal histopathology and the locus of enterocyte effacement. In: Kaper JB, O'Brien AD (Eds.): *Escherichia coli* O157:H7 and Other Shiga Toxin-Producing *E. coli* Strains. American Society for Microbiology, Washington, DC 1998. p.163-182.
9. World Health Organization & Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2018. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring: report. World Health Organization. <http://www.who.int/iris/handle/10665/272871>.
10. Scallan E., Hoekstra RM, Angulo FJ, Tauxe RV, Widdowson MA, Roy SL, Jones JL, Griffin PM. Foodborne illness acquired in the United States—major pathogens. *Emerg. Infect. Dis.* 2011;17:7-15.
11. Trabulsi, LR., Keller, R., Tardelli Gomes TA. Typical and atypical enteropathogenic *Escherichia coli*. *Emerg. Infect. Dis.* 8, 2002;508-513.
12. Centers for Disease Control and Prevention (CDC), National Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) Surveillance Annual Report. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC. 2015.
13. European Centre for Disease Prevention and Control. 2013. Annual epidemiological report. 2013. Reporting on 2011 surveillance data and 2012 epidemic intelligence data. Stockholm: ECDC.
14. Public Health Agency of Canada. FoodNet Canada annual report 2016. Ottawa, 2019.
15. World Health Organization and Food and Agriculture Organization of the United Nations. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring. WHO/FAO, 2018.
16. National Institute of Infectious Diseases. Enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EHEC) infection, as of March 2019, Japan. *Infect Agents Surveill Rep.* 2019;40:71-72.

참고문헌

1. Bettelheim KA, Biochemical characteristics of *Escherichia coli*, In C. K. Gyles. 1994. p.3-30
2. Nataro JP, Kaper JB. Diarrheagenic *Escherichia coli*. *Clin Microbiol Rev.* 1998;11:142-201.
3. Kaper JB, Nataro JP, Mobley HL. Pathogenic *Escherichia coli*. *Nat Rev Microbiol.* 2004;2:123-140.
4. Croxen MA, Finlay BB. Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nat Rev Microbiol.* 2010;8:26-38.
5. Kleanthous HI, Smith HR, Scotland SM, Gross RJ, Rowe B, Taylor CM, Milford DV. Haemolytic uraemic syndromes in the British Isles, 1985-8: association with verocytotoxin producing *Escherichia coli*. Part 2: Microbiological aspects. *Arch Dis Child.* 1990;65:722-727.
6. Boerlin P, McEwen SA, Boerlin-Petzold F, Wilson JB, Johnson RP, Gyles CL. Associations between virulence factors of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* and disease in humans. *J Clin Microbiol* 1999;37:497-503.
7. Knutton S. Cellular responses to enteropathogenic *Escherichia coli* infection. *Biosci Rep.* 1995;15:469-479.

Abstract

The prevalence of Pathogenic *Escherichia coli* isolated by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010-2019

Yun Young-Sun, Kim Nan-Ok, Hong Sahyun, Chun Jeong-Hoon, Hwang Kyu Jam

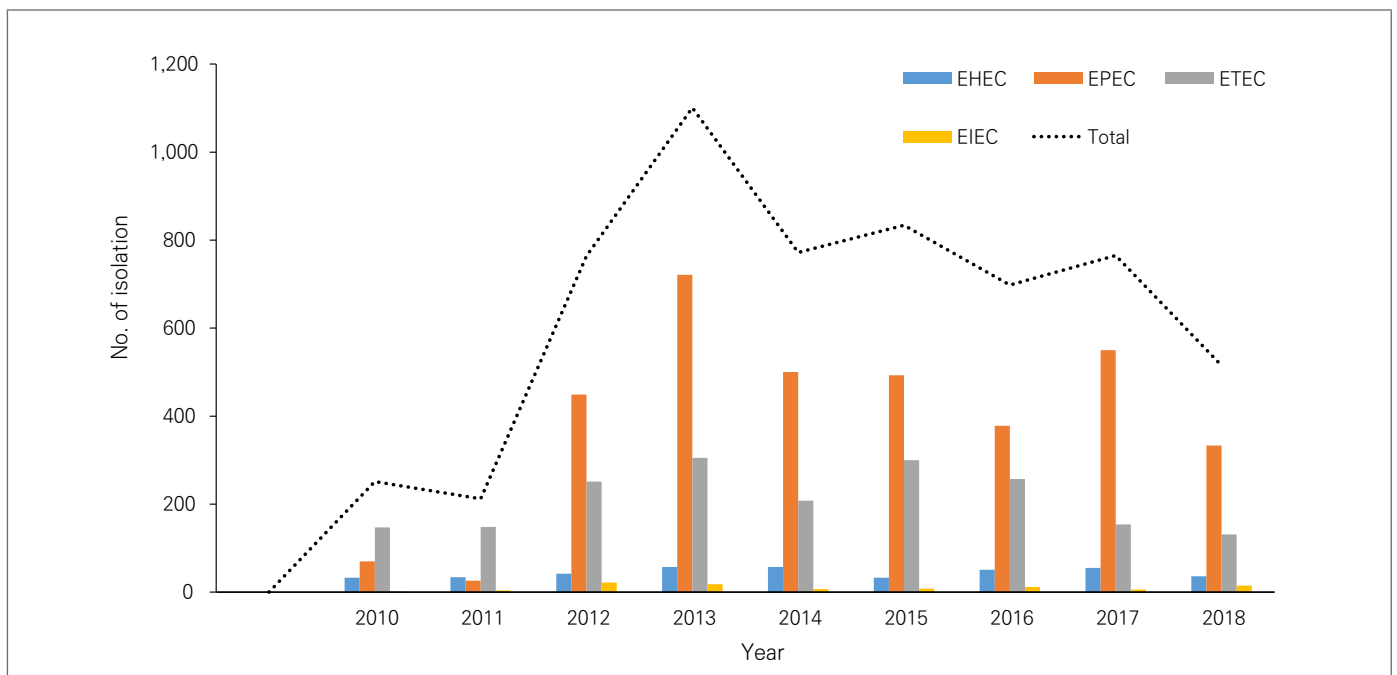
Division of Bacterial Diseases, Bureau of Infectious Disease Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)

Pathogenic *Escherichia coli* (*E. coli*) causes diseases such as abdominal pain, enteritis, hemolytic uremic syndrome, sepsis, and meningitis in humans, and is managed as a legal infectious disease in Korea. The aim of this study was to provide information to health practitioners for the prevention and management of infectious diseases by providing ten-year (2010-2019) data on the prevalence and characteristics of pathogenic *E. coli* as collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net). Findings indicated that a total of 6,485 isolates were collected from domestic residents (5,785; 89.2%) and foreign travelers (700; 10.8%) in Korea between 2010 and 2019. Most of the pathogenic *E. coli* (5,785; 89.2%) were isolated from domestic residents. Enteropathogenic *Escherichia coli* (EPEC) (3,921; 60.5%) was the most prevalent pathovar followed by, in descending order, Enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) (2,025; 31.2%), Enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EHEC) (438; 6.8%), and Enteroinvasive *Escherichia coli* (EIEC) (101; 1.6%). Among the ETEC cases, 556 (27.5%) strains were collected from foreign travelers; continuous monitoring through quarantine was required. The isolation rate, according to age group and season, was highest among children under nine years of age (37.0%) and was highest in the summer season (June to September). The major pathogenic genes of EHEC, EPEC, ETEC, and EIEC were *stx1* (45.7%), *eaeA* (97.4%), *st* (53.4%), and the *ipaH* (100.0%), respectively. The majority of the EHEC strains (57.5%) harbored both *stx* and *eaeA*. The major serogroups of EHEC were divided with O157 (17.1%), O103 (12.8%), O26 (8.0%), O111 (5.0%), O91 (4.1%), O8 (3.0%), O108 (2.3%). The major serogroups isolated in Korea, the United States, Europe, Canada, and Japan were O157, O103, O26, O111, and O91, respectively. Serogroups specifically highly isolated in Korea were O108 and O8. The incidence of the most frequently isolated O157 gradually decreased from 42.4% in 2010, showing a lower isolation rate compared to other developed countries. However, this study recommended continuous monitoring of the changes in serogroups as the Korean diet becomes more westernized. This study concluded that it is necessary to provide useful scientific information for the prevention of infectious diseases by analyzing the prevalence and characteristics of pathogens for infectious diseases through the continuous development of the national surveillance system.

Keywords: Pathogenic *E. coli*, Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), EHEC, EPEC, ETEC, EIEC

Table 1. The number of pathogenic *E. coli* collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010–2019

Origin	No. of isolates (%)				
	Total	EHEC	EPEC	ETEC	EIEC
Domestic strains	5,785 (89.2)	414 (94.5)	3,855 (98.3)	1,469 (72.5)	47 (46.5)
Imported strains	700 (10.8)	24 (5.5)	66 (1.7)	556 (27.5)	54 (53.5)
Total	6,485 (100.0)	438 (100.0)	3,921 (100.0)	2,025 (100.0)	101 (100.0)
		(6.8%)	(60.5%)	(31.2%)	(1.5%)

**Figure 1.** Annual isolation number of pathogenic *E. coli* collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010–2019

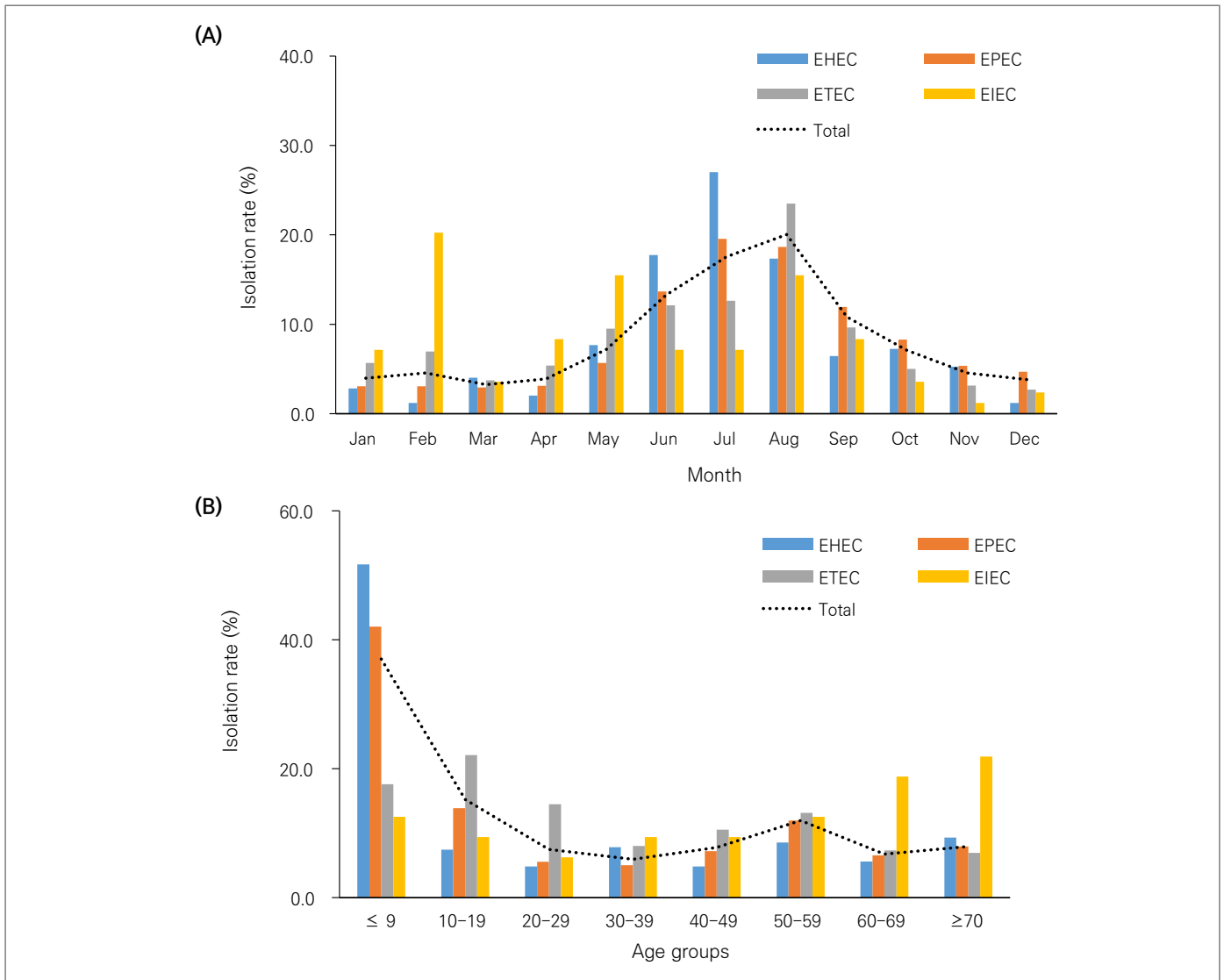


Figure 2. Seasonality (A) and age distribution (B) of pathogenic *E. coli* collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010–2019

Table 2. Virulence gene profiles of pathogenic *E. coli* collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010–2019

Toxin	No. of isolates (%)			
	EHEC	EPEC	ETEC	EIEC
<i>stx1</i>	200 (45.7)			
<i>stx2</i>	123 (28.1)			
<i>stx1+stx2</i>	115 (26.3)			
<i>eaA</i> (atypical)		3,818 (97.4)		
<i>bfpA</i> (typical)		8 (0.2)		
<i>eaeA+bfpA</i> (typical)		95 (2.4)		
<i>lt</i>			407 (20.1)	
<i>st</i>			1,081 (53.4)	
<i>lt+st</i>			537 (26.5)	
<i>ipaH</i>				101 (100.0)

Table 3. Number of EHEC serogroups collected by the Enteric Pathogens Active Surveillance Network (Enter-Net), 2010–2019

Rank	Serogroups	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	Total (%)
1	O157	14	5	4	14	14	6	7	2	7	2	75 (17.1)
2	O103	4	2	10	10	3	4	5	5	9	4	56 (12.8)
3	O26	4	1	6	1	4	4	4	3	3	5	35 (8.0)
4	O111	1	7	7	3	2	1	2	5	5	1	22 (5.0)
5	O91	1	7	5	5	2	1	1	1			18 (4.1)
6	O8	2		2	1				3	2	3	13 (3.0)
7	O108				1		1	4	3	1		10 (2.3)
8	O174				3	1	1	1		1	2	9 (2.1)
9	O162						3		3		2	8 (1.8)
10	O146				2	1	1	1		1		6 (1.4)
	ONT*	2	5	5	10	17	6	12	17		1	75 (17.1)
	Other serogroups**	5	14	8	9	14	6	14	12	12	19	111 (25.3)
	Total	33	34	42	57	57	33	51	55	36	40	438 (100.0)

*: O antigen non-typeable (ONT) is not expressed or cannot be determined by phenotypic methods.

** : O1, O2, O3, O6, O11, O12, O14, O15, O18, O21, O22, O39, O55, O57, O58, O61, O66, O70, O76, O77, O78, O81, O82, O83, O85, O86, O87, O90, O97, O104, O106, O113, O115, O117, O118, O121, O123, O124, O125, O126, O127, O128, O130, O140, O141, O145, O150, O153, O156, O159, O165, O167, O168, O169, O171, O172, O178, O179