



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 17, No. 15, April 18, 2024

Content

조사/감시 보고

617 경북권 코로나바이러스감염증-19 변이 바이러스 감시 현황
(2021-2023년)

정책 보고

633 2024년 상반기 검역관리지역 및 입국자 검역 안내

질병 통계

644 우울장애유병률 추이, 2014-2022년

Supplements

주요 감염병 통계



KDCA

Korea Disease Control and
Prevention Agency

Aims and Scope

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

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

About the Journal

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

Submission and Subscription Information

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

기타 모든 문의는 전화(+82-43-219-2955, 2958, 2959), 팩스(+82-43-219-2969) 또는 이메일(phwrcdc@korea.kr)을 통해 가능하다.

발행일: 2024년 4월 18일

발행인: 지영미

발행처: 질병관리청

편집사무국: 질병관리청 건강위해대응관 미래질병대비과
(28159) 충북 청주시 흥덕구 오송읍 오송생명2로 187 오송보건의료행정타운
전화. +82-43-219-2955, 2958, 2959, 팩스. +82-43-219-2969
이메일. phwrcdc@korea.kr
홈페이지. <https://www.kdca.go.kr>

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

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

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

편집위원장

최보울

한양대학교 의과대학

부편집위원장

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

안운진

질병관리청

안정훈

이화여자대학교 신산업융합대학

엄중식

가천대학교 의과대학

오경원

질병관리청

오주환

서울대학교 의과대학

유영

고려대학교 의과대학

이경주

국립재활원

이선희

부산대학교 의과대학

이윤환

아주대학교 의과대학

이재갑

한림대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 의과대학

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

가천대학교 의과대학

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

백선경

질병관리청

이은영

질병관리청

원고편집인

하현주

(주)메드랑

경북권 코로나바이러스감염증-19 변이 바이러스 감시 현황(2021-2023년)

오성희[†], 윤혜선[†], 김효진, 이용표, 문경란, 손준석, 최우영*

질병관리청 경북권질병대응센터 진단분석과

초 록

경북권역 내에서 발생하는 코로나바이러스감염증-19 원인 바이러스(SARS-CoV-2, 코로나19 바이러스) 변이를 감시하기 위하여 질병관리청 경북권질병대응센터 진단분석과에서는 2021년 2월부터 2023년 8월까지 코로나19 바이러스의 유전자 분석을 실시하였다. 권역 내 발생 18,185명, 해외로부터 권역에 유입한 1,974명을 포함하여 총 20,159명의 확진자를 대상으로 코로나19 바이러스의 전체 유전자 또는 일부 유전자의 염기서열 정보를 분석하였다. 확인된 코로나19 변이 바이러스는 오미크론 계열 15,402건(76.40%), 델타 3,922건(19.46%), 알파 195건(0.97%), 엡실론 176건(0.87%), 베타 3건, 이오타 3건, 카파 1건, 기타 457건(2.27%)으로 나타났다. 2021년에는 주요 변이(알파, 베타, 델타, 오미크론) 및 모니터링 변이(엡실론, 이오타, 카파)가 다양하게 유행하였으나, 2022년에는 델타와 오미크론이 2023년에는 오미크론 한 종류만 유행하였다. 이들 중에서 전장유전체 염기서열 기반(2,756건)으로 분석한 오미크론 세부 계통 점유율은 BA.1 계열 32건(1.16%), BA.2 계열 960건(34.83%), BA.4 계열 11건(0.40%), BA.5 계열 1,004건(36.43%), XBB 재조합 바이러스 계열 719건(26.09%), 기타재조합 변이 30건(1.09%)으로 나타났다. 전체 중 XBB 재조합 바이러스의 경우 XBB.1.9.1 180건(6.53%), XBB.1.5 140건(5.08%), XBB.1.16 99건(3.59%), XBB.1.9.2 88건(3.19%)과 EG.5 88건(3.19%) 순으로 확인되었다. 경북권 질병대응센터는 국외로부터 권역으로 유입되는 코로나19 바이러스 변이주 및 새로운 변이 바이러스 감시를 위하여 지속적으로 유전자 분석을 실시하고 근거 기반 감염병 감시에 기여하고자 한다.

주요 검색어: 코로나바이러스감염증-19; 사스코로나바이러스-2; 변이주; 유전자감시; 경북권

서 론

2020년 1월 국내에서 처음 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19)는 2019년 12월 중국 후베이성 우한에서 원인을 알 수 없는 호흡기 폐렴 사례로부터 발생하여 전 세계적

으로 770,085,713명 발생, 6,956,173명의 사망자가 발생하였다(2023.10.21. 기준) [1]. 우리나라 질병관리청 코로나19 통계 누리집에 따르면 코로나19 대응 단계 하향 및 제4급 감염병으로 전환(2023.8.31.)되기까지 34,572,554명(국내발생 34,492,629명, 해외유입 79,925명)의 감염자가 발생하였

Received January 30, 2024 Revised January 31, 2024 Accepted February 13, 2024

*Corresponding author: 최우영, Tel: +82-53-628-0640, E-mail: wychoi65@korea.kr

[†]이 저자들은 본 연구에서 공동 제1저자로 기여하였음.

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?**

2020년 1월 국내 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 첫 환자 발생 이후 국내에 유행한 주요 코로나19 변이 바이러스는 알파, 베타, 감마, 델타, 오미크론이다.

② 새로이 알게 된 내용은?

경북권역 내 코로나19 바이러스 변이 양상 파악을 통해 오미크론 세부 계통 중 XBB 계열 재조합 바이러스의 종류가 다양해지고 있으며 정확한 분류를 위하여 전장유전체 분석이 지속적으로 요구되고 있다.

③ 시사점은?

새로운 감염병에 대한 유전자 감시 체계 정착을 위하여 의료기관을 연계한 권역 중심의 진단분석 체계 운영이 필요하다.

고 35,605명이 사망하였다. 이 기간 동안 경북권역 내의 코로나19 확진자 및 사망자는 각각 3,097,628명과 4,227명이었다(2024.1.30. 기준) [2].

코로나19 원인병원체인 severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2)는 증식 및 전파가 지속되는 과정에서 새로운 변이가 발생한다. World Health Organization에서 주요 변이(variants of concern)로 지정한 알파(Alpha/B.1.1.7, 영국, 2020년 9월), 베타(Beta/B.1.351, 남아프리카공화국, 2020년 5월), 감마(Gamma/P.1, 브라질, 2020년 11월), 델타(Delta/B.1.617.2, 인도, 2020년 10월), 오미크론(Omicron/B.1.1.529, 남아프리카공화국, 2021년 11월) 이외에도 오미크론 변이 바이러스의 전파 및 높은 면역회피로 인해 빠르게 확산되어 오미크론 변이 안에서도 모니터링 중인 오미크론 세부 계통(Omicron subvariants under monitoring) 변이를 추가하여 하위 및 재조합 변이를 감시하고 있다(표 1) [3]. SARS-CoV-2 서열이 Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) 데이터베이스를 통해 공유됨에 따라, 오미크론 세부 계통은 1,438개의 하위 변

이로 분류되었으며, 이 중 기타 변이(variants of interest)인 XBB.1.16 47개, EG.5 33개, XBB.1.5 200개와 모니터링 변이(variant under monitoring)인 BA.2.75 209개, XBB.2.3 53개, BA.2.86 2개, CH.1.1 70개, XBB 657개, XBB.1.9.1 97개, XBB.1.9.2 70개로 업데이트 현황을 공유하고 있다(2023.9.21. 기준). 특히 XBB 계열 재조합 바이러스는 2022년 8월 인도에서 출현한 이래로 현재까지 857개의 세부 계통 변이가 보고되고 있다[4,5]. 2023년 1월에 동남아시아에서 XBB.1.9.1 출현을 시작으로 우리나라에서도 XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3, XBB.1.16 등이 지속적으로 출현하고 있는 상황이다[6].

질병관리청에서는 국내 첫 코로나19 확진자 발생(2020.1.20.) 이후부터 유전자 감시(genomic surveillance) 사업을 통하여 코로나19 변이 바이러스 세부 계통을 추적 및 분석하고 있으며[7] 경북권질병대응센터에서도 해외에서 대구광역시 및 경상북도로 유입되는 코로나19 확진자 및 지역사회에서 확진된 사례에 대하여 코로나19 바이러스 유전자 감시를 지속적으로 실시하고 있다. 염기서열 분석 방법으로 특정 유전자(S gene) 염기서열 분석(Sanger sequencing), 변이 유전자 검출검사(real-time reverse transcription polymerase chain reaction, real-time RT-PCR) 및 전장유전체 분석(next generation sequencing, NGS)의 방법을 적용하였고 특히 2022년부터는 Ion AmpliSeq SARS-CoV-2 Research Panel을 활용한 Ion Torrent 시퀀서(Genexus Integrated Sequencer; ThermoFisher Scientific)를 도입하여 코로나19 확진자의 호흡기 검체로부터 SARS-CoV-2 NGS를 수행하고 있다.

본 원고에서는 2021년 2월부터 2023년 8월까지 대구광역시 및 경상북도에서 발생한 코로나19 확진자의 호흡기 검체로부터 SARS-CoV-2의 염기서열을 분석하여 변이 바이러스를 감시하고 NGS를 통하여 오미크론 세부 계통을 확인하였다. 경북권질병대응센터에서는 앞으로도 유전자 분석에 기반한 병원체 감시를 통하여 과학적 방역에 기여할 것이다.

표 1. 코로나바이러스감염증-19 변이 바이러스

정의	WHO 이름	PANGO 계통	유전적 특성	지정일
기타 변이 바이러스	재조합 변이	XBB.1.5	BA.2.10.1과 BA.2.75 세부 계통의 재조합 XBB.1+S:F486P	2023년 1월 11일
		XBB.1.16	BA.2.10.1과 BA.2.75 세부 계통의 재조합 XBB.1+S:E180V	2023년 4월 17일
		EG.5	XBB.1.9.2+S:F456L EG.5.1:EG.5+S:Q52H 포함	2023년 8월 9일
모니터링 변이 바이 러스	오미크론	BA.2.75	BA.2+S:K147E, S:W152R, S:F157L, S:I210V, S:G257S, S:D339H, S:G446S, S:N460K, S:Q493R reversion	2022년 7월 6일
		CH.1.1	BA.2.75+S:L452R, S:F486S	2023년 2월 8일
		BA.2.86	BA.2로부터 추정되는 변이	2023년 8월 17일
	재조합 변이	XBB ^{a)}	BA.2+S:V83A, S:Y144del, S:H146Q, S:Q183E, S:V213E, S:G252V, S:G339H, S:R346T, S:L368I, S:V445P, S:G446S, S:N460K, S:F486S, S:F490S	2022년 10월 12일
		XBB.1.9.1	BA.2.10.1과 BA.2.75 세부 계통의 재조합 XBB.1+S:F486P	2023년 3월 30일
		XBB.1.9.2 ^{b)}	BA.2.10.1과 BA.2.75 세부 계통의 재조합 XBB.1+S:F486P, S:Q613H	2023년 4월 26일
		XBB.2.3	BA.2.10.1과 BA.2.75 세부 계통의 재조합 XBB+S:D253G, S:F486P, S:P521S	2023년 5월 17일

Reused from WHO. Tracking SARS-CoV-2 variants (2023 Aug 17). WHO; 2023 [3]. WHO=World Health Organization; PANGO=Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages; A=alanine; R=arginine; N=asparagine; D=aspartic acid; C=cysteine; Q=glutamine; E=glutamic acid; G=glycine; H=histidine; I=isoleucine; L=leucine; K=lysine; F=phenylalanine; P=proline; S=serine; S:=Spike region; T=threonine; W=tryptophan; Y=tyrosine; V=valine. ^{a)}목록에 표시된 기타 변이 및 모니터링 변이 중 XBB 세부 계통 제외. ^{b)}목록에 표시된 기타 변이 및 모니터링 변이 중 XBB.1.9.2 세부 계통 제외.

방 법

1. 분석 대상

보건의료기관, 민간 수탁 검사 기관 및 보건환경연구원(대구광역시 및 경상북도) 등으로부터 2021년 1월부터 2023년 8월까지 코로나19 유전자 검출검사로 양성 확인된 확진자의 호흡기 검체 20,159건(지역사회 발생: 18,185건[90.21%], 해외 유입 사례: 1,974건[9.79%])을 대상으로 유전자 분석을 실시하였다. 전체 감시 기간 동안 씨젠 의료재단에서 15,057건(74.69%), 서울의과학연구소에서 3,033건(15.05%), 대구광역시 보건환경연구원에서 1,175건(5.83%), 경상북도 보건환경연구원에서 586건(2.91%), 5개 의료기관(경북대학교병원, 칠곡경북대학교병원, 대구의료원, 차의과학대학교 구미차병원, 순천향대학교 구미병원)에서 209건(1.04%), 삼광의료

재단 26건(0.13%), 이원 의료재단 23건(0.11%), 기타(삼일병원, 포항성모병원, GC녹십자의료재단, 영남대학교의료원, 결핵연구원) 50건(0.25%)을 확보하였다(표 2).

2. SARS-CoV-2 변이 검출 및 염기서열 분석

SARS-CoV-2 변이 분석 방법으로 real-time RT-PCR, 특정 유전자 염기서열 분석 및 NGS를 활용하였다. Real-time RT-PCR 분석 기법을 통해 알파, 베타, 감마, 델타 및 오미크론 변이(BA.2.75, BA.4/5, BA.2.12.1, BA.2.3) 등을 감별하였다. 특정 유전자 염기서열 분석기법은 SARS-CoV-2의 spike 유전자 부분 약 4천 개의 염기서열을 확인하여 알파, 베타, 감마, 이오타, 엡실론, 카파 및 오미크론 변이(BA.1.1, BA.2.12.1, BA.4/5)를 감별하였으며, 추가로 델타 변이 감별을 위하여 420개의 염기서열을 추가로 분석하였다.

표 2. 코로나바이러스감염증-19 검체 기관별 접수 현황, 2021년 2월-2023년 8월

연도	씨젠 의료재단	서울 의과학 연구소	대구광역시 보건환경 연구원	경상북도 보건환경 연구원	민간 의료기관 ^{a)}	삼광 의료재단	이원 의료재단	기타	합계
2021	2,489	657	715	367	-	24	23	44	4,319
2022	9,916	2,146	355	184	1	2	-	5	12,609
2023	2,652	230	105	35	208	-	-	1	3,231
합계	15,057	3,033	1,175	586	209	26	23	50	20,159
비율(%)	(74.69)	(15.05)	(5.83)	(2.91)	(1.04)	(0.13)	(0.11)	(0.25)	(100)

^{a)}경북대학교병원, 칠곡경북대학교병원, 대구의료원, 차의과학대학교 구미차병원, 순천향대학교 구미병원.

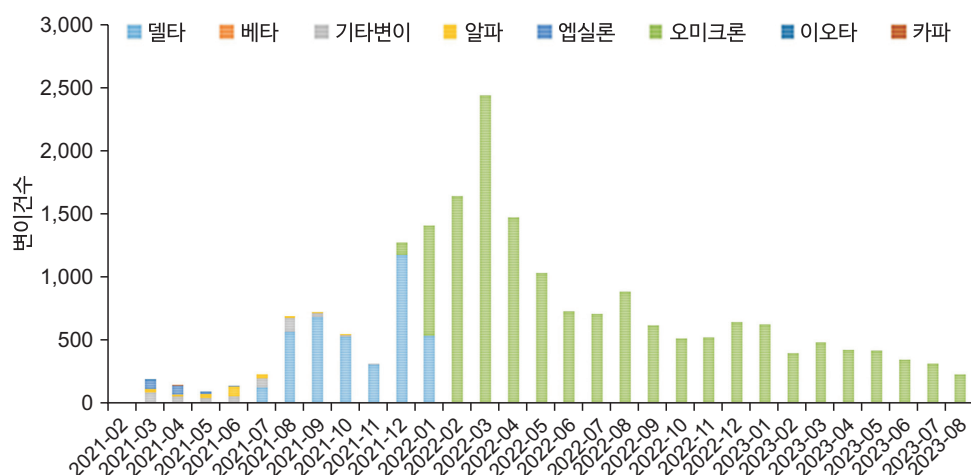


그림 1. 경북권(대구광역시, 경상북도) 코로나바이러스감염증-19 변이 바이러스 검출 현황

NGS는 코로나19 확진자로부터 추출한 바이러스 유전자를 TaqMan™ 2019 nCoV Assay kit v1 (Applied Biosystems™)을 사용하여 정량하고 Genexus™ Integrated Sequencer (Ion Torrent Genexus System; ThermoFisher Scientific)와 Ion AmpliSeq™ SARS-CoV-2 Insight Research Assay GX 등 NGS 시약(ThermoFisher Scientific)을 사용하여 NGS를 실시하였다. 확보한 SARS-CoV-2 전장유전체는 SARS-CoV-2-Panglin과 CLC Main Workbench (Version 21.0.3; QIAGEN)를 사용하여 유전체 염기서열을 비교 분석하였다.

결 과

1. 연도별 코로나19 변이 바이러스 검출 현황

코로나19 감시 기간 내에 분석 대상은 총 20,159명으로

2021년 4,319명, 2022년 12,609명, 2023년 8월 31일까지 3,231명이고 이들로부터 코로나19 변이 바이러스를 분석한 결과 그 점유율은 연도별로 2021년에는 델타 78.32% (3,383건), 알파 4.52% (195건), 엡실론 4.08% (176건), 오미크론 2.34% (101건), 베타 0.07% (3건), 이오타 0.07% (3건), 카파 0.02% (1건), 기타 10.58% (457건), 2022년에는 오미크론 95.73% (12,070건), 델타 4.27% (539건), 2023년 오미크론 100% (3,231건)로 확인되었다. 국내 코로나19 4차 유행에 접어드는 시기(2021.7.7.-2022.1.29.)에는 델타 점유율(75.7%)이 높은 것으로 확인되었으며 2022년 1월에는 델타(37.8%)에서 오미크론(62.2%)으로 점유율이 역전되었고 2022년 2월부터는 현재까지(2023.8.31.) 오미크론만이 유행하였다(그림 1).

해외유입 확진자 중 변이 바이러스 분포는 총 1,974건이

며 2021년 221건(델타 152건, 베타 3건, 알파 28건, 엡실론 2건, 오미크론 21건, 이오타 1건, 카파 1건, 기타 13건), 2022년 1,631건(델타 7건, 오미크론 1,624건), 2023년 122건(오미크론 122건)으로 확인되었다.

2. 오미크론 및 XBB 재조합 바이러스 검출 현황

해외로부터 권역 내 유입 514건 및 지역사회 발생 2,242건(대구지역 1,055건, 경북지역 1,187건) 총 2,756건을 대상으로 전체 염기서열을 분석하여 경북권 내 코로나19 변이 바이러스를 감지한 결과 2022년 3월에 오미크론(BA.2)이 처음 확인되었고 2022년 11월에 XBB 재조합 바이러스가 확인되었다. 이후 2023년 8월 31일까지 오미크론 BA.1 1.16% (32건), BA.2 9.29% (256건), BA.2.75 23.99% (661건), BA.4 0.40% (11건), BA.5 36.43% (1,004건), CH.1.1 1.56% (43건), EG.5 3.19% (88건), XBB 2.03% (56건), XBB.1.16 3.59% (99건), XBB.1.5 5.08% (140건), XBB.1.9.1 6.53% (180건), XBB.1.9.2 3.19% (88건), XBB.2.3 2.47% (68

건), 기타 1.09% (30건)로 확인되었다(표 3, 그림 2). 해외로부터 권역 내 유입 514건 중 BA.2 10.70% (55건) BA.2.75 3.70% (19건), BA.4 1.75% (9건), BA.5 77.44% (398건), CH.1.1 1.56% (8건), EG.5 0.78% (4건), XBB 0.39% (2건), XBB.1.16 0.58% (3건), XBB.1.5 1.56% (8건), XBB.1.9.1 0.58% (3건), XBB.1.9.2 0.19% (1건), XBB.2.3 0.58% (3건), 기타 변이 0.19% (1건)로 확인되었다.

논 의

경북권질병대응센터는 질병관리청 개청 이래 권역 내에서 발생하는 코로나19 바이러스 유전자 분석을 통하여 2021년 2월부터 현재까지 지속적으로 감시를 실시하고 있다. 국내에서 코로나19가 처음 발생한(2020.1.20.) 이후 1차(2020.2.18.-2020.5.5.), 2차(2020.8.12.-2020.11.12.) 유행시기를 거쳐 2021년 2월은 3차(2020.11.13.-2021.1.20.) 유행 후 다소 안정화된 시기이다[8]. 전국적으로는 코로나

표 3. 경북권 오미크론 변이 바이러스 검출 현황

WHO 이름		PANGO 계통	변이 건수	구분	
				국내발생	해외유입
오미크론		BA.1	32 (1.16)	32	0
		BA.2	256 (9.29)	201	55
		BA.2.75	661 (23.99)	642	19
		BA.4	11 (0.40)	2	9
		BA.5	1,004 (36.43)	606	398
		CH.1.1	43 (1.56)	35	8
재조합 변이	XBB	EG.5	88 (3.19)	84	4
		XBB ^{a)}	56 (2.03)	54	2
		XBB.1.16	99 (3.59)	96	3
		XBB.1.5	140 (5.08)	132	8
		XBB.1.9.1	180 (6.53)	177	3
		XBB.1.9.2	88 (3.19)	87	1
		XBB.2.3	68 (2.47)	65	3
		기타 변이 ^{b)}	30 (1.09)	29	1
합계			2,756 (100)	2,242	514

단위: 건(%) 또는 건. WHO=World Health Organization; PANGO=Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages. ^{a)}EG.5, XBB.1.16, XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3을 제외한 XBB. ^{b)}XBC.1, XBC.1.6.1, XBF, XBJ, XBJ.1.1, XBK, XCE.

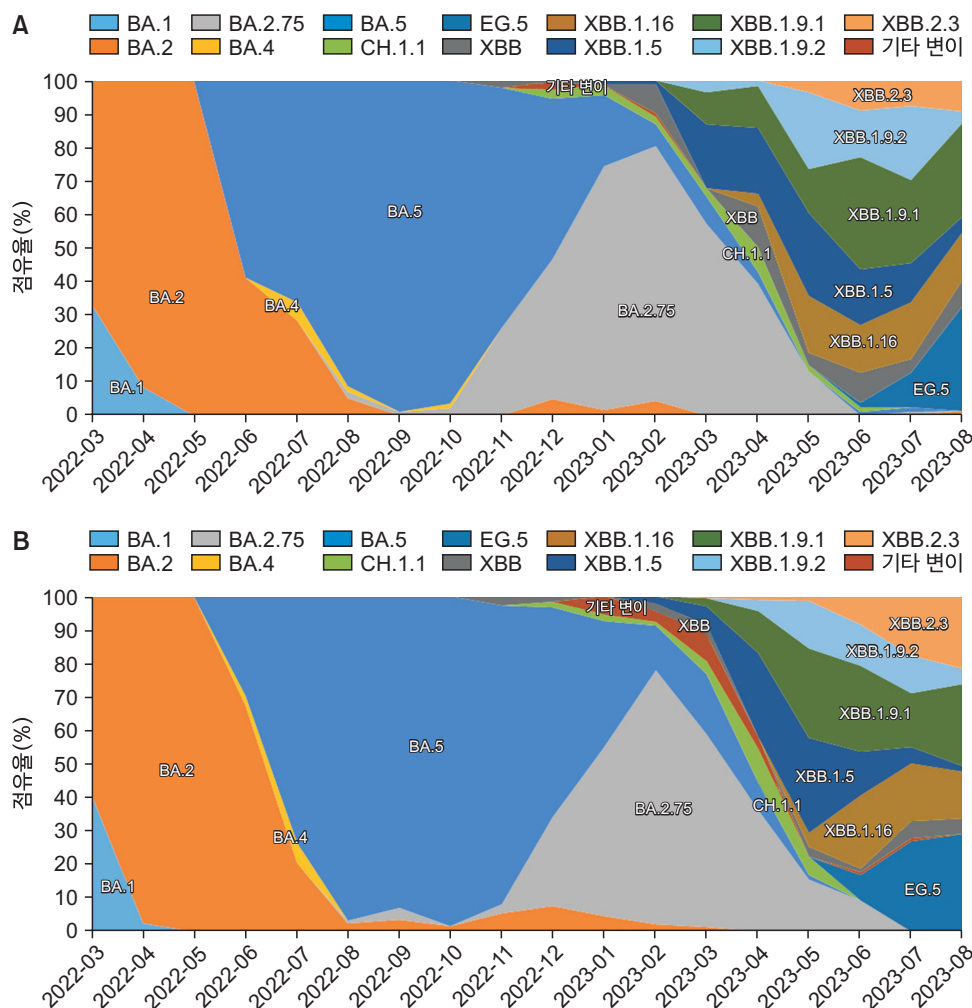


그림 2. 경북권 지역별 코로나바이러스감염증-19 변이 바이러스 월별 점유 현황
(A) 대구광역시, (B) 경상북도

19 변이 바이러스로 알파(2020년 12월), 베타(2021년 1월), 감마(2021년 1월)가 이미 출현한 시기였고 경북권에서는 알파, 베타가 각각 2021년 2월, 2021년 3월에 확인되었고 감마는 확인되지 않았다. 오미크론은 권역 내 최초 확인(2021년 12월)된 이래 지속적으로 증가하여 연도별 점유율은 2021년 2.34% (101건/4,319건), 2022년 95.73% (12,070건/12,609건), 2023년 8월까지 100%였다(3,231건/3,231건). Kim 등[8]의 보고에 의하면 2022년부터 국내에서는 BA.1 (2022년 1-2월), BA.2/2.3 (2022년 3-6월), BA.5/5.2 (2022년 7-12월)가 유행하고 2023년 1월부터는 BA.2.75 계열인 BN.1이 유행하였다. 또한 우리나라 5개 권

역(수도권, 충청권, 호남권, 경북권, 경남권)에서 변이 바이러스 유행 양상이 유사하여 델타에서 오미크론으로 변화하는 시점은 2021년 48주차로, 이 시기에 오미크론이 확인되기 시작하여 2021년 52주차부터는 전 권역에서 오미크론이 발생하고 점차 점유율이 높아진 것으로 보고하였다[8]. 본 연구에서도 앞선 보고와 유사한 양상으로 분석되었고 특히 2022년 11월부터는 재조합 변이 바이러스가 발생하기 시작하여 그 종류와 점유율이 점차 증가하는 양상을 나타내었다(그림 2).

2022년 2월부터는 SARS-CoV-2 NGS를 실시하고 있어 코로나19 바이러스 전체 염기서열뿐만 아니라 오미크론 및 재조합 변이의 세부 계통까지 감시하고 있다. 경북권에서는

재조합 바이러스 중에 XBB.1.9.1, XBB.1.5 및 XBB.1.16 발
생이 각각 180건(6.53%), 140건(5.08%), 99건(3.59%)으로
감시 기간 동안 높게 나타났으며 XBB.1.9.1은 XBB.1 유전자
특성에 추가로 spike 단백질 486번 아미노산이 소수성인 페닐
알라닌(phenylalanine)에서 프롤린(proline)으로 바뀐 세부 계
통으로 인체 면역 기전 회피는 가능하지만 중증을 초래하지는
않는 것으로 보고되고 있다[3]. 이와 같이 NGS를 통하여 코로
나19 변이 바이러스 감시와 동시에 병원체 전체 염기서열 분
석이 가능하므로 S 유전자 부분뿐만 아니라 코로나19 진단검
사 시 검출 표적 유전자(E 및 ORF1ab 등)의 변이를 확인하여
유전자 검출검사 시 특이사항 분석이나 진단법 개선에 활용할
수 있다[9,10].

코로나19 국가 대응 체계가 변화하고 2023년 8월 31일부
터 제4급 감염병으로 국가 관리를 시작하면서 전국민에 대한
위협은 감소하고 있으나 여전히 새로운 변이가 출현하고 있는
상황으로 국내에서 유행하거나 또는 국외에서 국내로 유입되
는 병원체에 대한 NGS는 여전히 강력한 감시 방법이며 경북
권에서는 앞으로도 지속적으로 유전자 분석을 실시하여 국내
과학적 기반 감염병 감시에 적극 기여할 것이다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: We thank the members of the Division
of Emerging Infectious Disease in Korea Disease Control
and Prevention Agency for supporting experimental materi-
als and methods, and 5 local hospitals (Kyungbook National
University Hospital, Kyungbook National University Chilgok
Hospital, Daegu Medical Center, CHA University CHA
Gumi Medical Center, Soonchunhyang University Hospital
Gumi) and two private diagnostic referral laboratories

(Seegene Medical Foundation, Seoul Clinical Laboratories)
for providing COVID-19 positive samples.

Conflict of Interest: The authors have no conflicts of inter-
est to declare.

Author Contributions: Conceptualization: HSY, WYC. Data
curation: HSY, SHO, JSS. Formal analysis: SHO, HJK, JSS.
Investigation: SHO. Methodology: YPL. Resources: YPL,
GRM. Software: YPL, SHO. Supervision: WYC. Validation:
HSY. Visualization: GRM. Writing – original draft: HSY,
HJK, YPL, SHO. Writing – review & editing: HSY, WYC.

References

1. World Health Organization. Weekly epidemiological up-
date on COVID-19 – 1 September 2023 [Internet]. World
Health Organization; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Available
from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---1-september-2023>
2. Korea Disease Control and Prevention Agency. Status of
cumulative confirmed cases of COVID-19 (total surveil-
lance) [Internet]. Korea Disease Control and Prevention
Agency; 2024 [cited 2024 Jan 30]. Available from: <https://ncov.kdca.go.kr/bdBoardListR.do?brdId=1&brdGubun=11>
3. World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants
[Internet]. World Health Organization; 2023 [cited 2023
Oct 21]. Available from: <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
4. GISAID. Global Initiative on Sharing Avian Influenza
Data [Internet]. GISAID; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Avail-
able from: <https://gisaid.org/>
5. Pango Lineages [Internet]. cov-lineages.org; 2023 [cited
2023 Oct 21]. Available from: <https://cov-lineages.org>
6. Korea Disease Control and Prevention Agency Press Re-
lease [cited 2023 Sep 19] Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list_no=723415&cg_code=&act=view&nPage=7
7. Kim IH, Park AK, Lee H, et al. July 2021 status and char-
acteristics of the COVID-19 variant virus outbreak in the
Republic of Korea. Public Health Wkly Rep 2021;14:2547-

- 60.
8. Kim IH, No JS, Kim JA, et al. Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 variants in South Korea between January 2020 and February 2023. *Virology* 2023;587:109869.
9. Yun HS, Park JJ, Chae HG, et al. Characterization of CO-VID-19 diagnosis based on whole genome sequencing in Gyeongbuk region. *Public Health Wkly Rep* 2023;16:215-29.
10. Lee EJ, Hong SH, Jung SO, et al. Surveillance report of imported SARS-CoV-2 variants at Incheon International Airport and Incheon Port (February 15, 2021-March 2023). *Public Health Wkly Rep* 2023;16:883-902.

Distribution of SARS-CoV-2 Variants in Gyeongbuk Region in Republic of Korea, 2021–2023

Seong Hee Oh[†], Haesun Yun[†], Hyo-Jin Kim, Yong-Pyo Lee, Gyeong Ran Moon, Junseock Son, Wooyoung Choi*

Division of Laboratory Diagnosis Analysis, Gyeongbuk Regional Center for Disease Control and Prevention,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Daegu, Korea

ABSTRACT

We conducted a genomic surveillance of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) by performing full-length genome analysis of the virus, targeted gene sequencing, and real-time reverse transcription polymerase chain reaction in Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do between February 2021 and August 2023. Samples of patients with coronavirus disease 2019 were collected from institutes of health and environment, private diagnostic referral laboratories, and medical institutes. Among 20,159 patient samples collected, there were 15,402 cases of the Omicron (76.40%), 3,922 cases of Delta (19.46%), 195 cases of Alpha (0.97%), 176 cases of Epsilon (0.87%), 3 cases of Beta, 3 cases of Iota, and 1 case of Kappa SARS-CoV-2 variants. Prevalence of the variants varied by year, five variants (Alpha, Beta, Delta, Omicron, and Epsilon) were mostly prevalent in 2021. Delta and Omicron family were prevalent in 2022, and only the Omicron variant was prevalent in 2023. The prevalent Omicron sub-variants (n=2,756) included BA.1 (n=32, 1.16%), BA.2 sublineage (n=960, 34.83%), BA.4 (n=11, 0.40%), BA.5 (n=1,004, 36.43%), and XBB recombinants (n=719, 26.09%). Among XBB recombinants, the prevalent subvariants included XBB.1.9.1 (n=180, 6.53%), XBB.1.5 (n=140, 5.08%), XBB.1.16 (n=99, 3.59%), XBB.1.9.2 (n=88, 3.19%), and EG.5 (n=88, 3.19%). These results suggested that continuous genomic surveillance is important to monitor the SARS-CoV-2 variants emergent in the Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do.

Key words: COVID-19; SARS-CoV-2; Variant; Genomic surveillance; Gyeongbuk region

*Corresponding author: Wooyoung Choi, Tel: +82-53-628-0640, E-mail: wychoi65@korea.kr

[†]These authors contributed equally to this study as co-first authors.

Introduction

The first domestic case of coronavirus disease 2019 (COVID-19) was identified in January 2020, originating from a case of respiratory pneumonia with an unknown origin in Wuhan, Hubei Province, China, in December 2019. COVID-19 has led to 770,085,713 reported cases

and 6,956,173 deaths worldwide (October 21, 2023) [1]. According to the data provided by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA), 34,572,554 individuals were infected (34,492,629 domestically and 79,925 importedlly), and 35,605 deaths were reported; before the COVID-19 response phase was downgraded, and it was declared a class 4 infectious disease (August 31, 2023). Notably, during this

Key messages

① What is known previously?

The severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) variants that have been mainly prevalent in the Republic of Korea since the first confirmed case in January 2020 are Alpha, Beta, Gamma, Delta, and Omicron.

② What new information is presented?

As the subvariants of the XBB series recombinant viruses from the Omicron subfamily are becoming more diverse, full-length genome analysis of SARS-CoV-2 is continuously required for accurate classification.

③ What are implications?

To establish a genetic surveillance system for new infectious diseases, it is necessary to operate a regional diagnostic analysis system linking medical institutions.

period, the Gyeongbuk region recorded 3,097,628 COVID-19 cases and 4,227 deaths (January 30, 2024) [2].

Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), the causative agent of COVID-19, undergoes continuous mutations as it spreads and replicates. Variants of concern, designated by the World Health Organization, include Alpha (Alpha/B.1.1.7, United Kingdom, September 2020), Beta (Beta/B.1.351, Republic of South Africa, May 2020), Gamma (Gamma/P.1, Brazil, November 2020), Delta (Delta/B.1.617.2, India, October 2020), and Omicron (Omicron/B.1.1.529, Republic of South Africa, November 2021). Additionally, Omicron subvariants are now under monitoring to track subvariants and recombinant variants due to the rapid spread and significant immune evasion of Omicron variant viruses (Table 1) [3]. The SARS-CoV-2 sequence has been shared through the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data

(GISAID), where the Omicron sublineage is categorized into 1,438 subvariants. Of these, XBB.1.16 (47 subvariants), EG.5 (33 subvariants), and XBB.1.5 (200 subvariants) are categorized as variants of interest, while BA.2.75 (209 subvariants), XBB.2.3 (53 subvariants), BA.2.86 (2 subvariants), CH.1.1 (70 subvariants), XBB (657 subvariants), XBB.1.9.1 (97 subvariants), and XBB.1.9.2 (70 subvariants) are classified as variants under monitoring (as of September 21, 2023). In particular, the XBB recombinant variants emerged in India in August 2022, and 857 subvariants have been reported to date [4,5]. Following the emergence of XBB.1.9.1 in Southeast Asia in January 2023, a succession of variants, including XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3, and XBB.1.16, has continued to emerge in the Republic of Korea (ROK) [6].

Since the first confirmed case of COVID-19 in ROK on January 20, 2020, the KDCA has thoroughly monitored and analyzed COVID-19 mutant viruses through genomic surveillance [7]. Concurrently, the Gyeongbuk Regional Center for Disease Control and Prevention (RCDC) has persistently conducted genetic surveillance of COVID-19 viruses for confirmed cases of COVID-19 entering Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do from overseas, as well as those confirmed within the community. The sequencing methods include S-gene Sanger sequencing, real-time reverse transcription polymerase chain reaction (real-time RT-PCR), and next-generation sequencing (NGS). In particular, since 2022, the Ion Torrent sequencer (Genexus Integrated Sequencer; ThermoFisher Scientific) has been applied for the SARS-CoV-2 NGS, utilizing the Ion AmpliSeq SARS-CoV-2 Research Panel to sequence respiratory specimens from COVID-19 confirmed cases.

In this report sequencing of SARS-CoV-2 from respiratory

Table 1. Summary of circulating severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 variants

Definition of variant	WHO name	PANGO lineage	Genetic feature	Date of designation
VOIs	Recombinant	XBB.1.5	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages XBB.1+S:F486P	11-01-2023
		XBB.1.16	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages XBB.1+S:E180V	17-04-2023
		EG.5	XBB.1.9.2+S:F456L Includes EG.5.1:EG.5+S:Q52H	09-08-2023
VUMs	Omicron	BA.2.75	BA.2+S:K147E, S:W152R, S:F157L, S:I210V, S:G257S, S:D339H, S:G446S, S:N460K, S:Q493R reversion	06-07-2022
		CH.1.1	BA.2.75+S:L452R, S:F486S	08-02-2023
		BA.2.86	Mutations relative to putative ancestor BA.2	17-08-2023
	Recombinant	XBB ^{a)}	BA.2+S:V83A, S:Y144del, S:H146Q, S:Q183E, S:V213E, S:G252V, S:G339H, S:R346T, S:L368I, S:V445P, S:G446S, S:N460K, S:F486S, S:F490S	12-10-2022
		XBB.1.9.1	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages XBB.1+S:F486P	30-03-2023
		XBB.1.9.2 ^{b)}	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages XBB.1+S:F486P, S:Q613H	26-04-2023
		XBB.2.3	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages XBB+S:D253G, S:F486P, S:P521S	17-05-2023

Reused from WHO. Tracking SARS-CoV-2 variants (2023 Aug 17). WHO; 2023 [3]. WHO=World Health Organization; PANGO=Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages; VOIs=variants of interest; VUMs=variants under monitoring; A=alanine; R=arginine; N=asparagine; D=aspartic acid; C=cysteine; Q=glutamine; E=glutamic acid; G=glycine; H=histidine; I=isoleucine; L=leucine; K=lysine; F=phenylalanine; P=proline; S=serine; S=Spike region; T=threonine; W=tryptophan; Y=tyrosine; V=valine. ^{a)}Excludes XBB sublineages listed here as VOIs and VUMs. ^{b)}Excludes XBB.1.9.2 sublineages listed here as VOIs and VUMs.

specimens collected from COVID-19 cases in both Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do between February 2021 and August 2023, aimed at closely monitoring variants and identifying omicron sublineages through NGS. The Gyeongbuk RCDC will continue to contribute to scientific epidemic prevention through rigorous pathogen surveillance based on genetic analysis.

Methods

1. Subjects

Genetic analysis was conducted on 20,159 respiratory specimens (confirmed cases within Gyeongbuk region: 18,185

[90.21%]; confirmed cases entering Gyeongbuk region from overseas: 1,974 [9.79%]) from medical institutions, private diagnostic referral laboratories, and Institutes of Health and Environment (Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do) between January 2021 and August 2023. During the entire surveillance period, samples were obtained from 15,057 cases (74.69%) from Seegene Medical Foundation; 3,033 cases (15.05%) from Seoul Clinical Laboratories; 1,175 cases (5.83%) from Daegu Metropolitan City Institutes of Health and Environment; 586 cases (2.91%) from Gyeongsangbuk-do Institutes of Health and Environment; 209 cases (1.04%) from five medical institutes (Kyungpook National University Hospital, Kyungpook National University Chilgok Hospital,

Daegu Medical Center, CHA University CHA Gumi Medical Center, and SoonChunHyang University Hospital Gumi); 26 cases (0.13%) from Samkwang Medical Laboratories; 23 cases (0.11%) from EONE Laboratories; and 50 cases from other institutions (Samil Hospital, Pohang St. Mary's Hospital, GC Labs, Yeungnam University Hospital, and Tuberculosis Research Center) (Table 2).

2. Detection and Sequencing of SARS-CoV-2

The SARS-CoV-2 variants were analyzed using methods such as S-gene by Sanger sequencing, real-time RT-PCR, and NGS. Real-time RT-PCR-based variant PCR assay distinguished between Alpha, Beta, Gamma, Delta, and Omicron variants (BA.2.75, BA.4/5, BA.2.12.1, BA.2.3). The S-gene by Sanger sequencing identified approximately 4,000 nucleotides from the spike gene portion of SARS-CoV-2 to detect Alpha, Beta, Gamma, Iota, Epsilon, Kappa, and Omicron variants (BA.1.1, BA.2.12.1, BA.4/5), with an additional 420 nucleotides analyzed to differentiate Delta variants. NGS was used to quantify viral genes extracted from COVID-19 cases using TaqMan™ 2019 nCoV Assay Kit v1 (Applied Biosystems™) and perform whole-genome sequencing using

Genexus™ Integrated Sequencer (Ion Torrent Genexus System; ThermoFisher Scientific) and Ion AmpliSeq™ SARS-CoV-2 Insight Research Assay GX (ThermoFisher Scientific), including whole-genome sequencing reagents. The whole genome of SARS-CoV-2 obtained was analyzed through comparative genome sequencing using SARS-CoV-2-Panglin and the CLC Main Workbench (Version 21.0.3; QIAGEN).

Results

1. Detection of COVID-19 Variants by Year

Throughout the COVID-19 surveillance period, a total of 20,159 individuals were analyzed, with 4,319 assessed in 2021; 12,609 in 2022; and 3,231 up to August 31, 2023. The examination of COVID-19 variants in these individuals revealed distinct patterns across the years. In 2021, Delta was predominant, comprising 78.32% (3,383 cases), followed by Alpha at 4.52% (195 cases), Epsilon at 4.08% (176 cases), Omicron at 2.34% (101 cases), Beta at 0.07% (3 cases), Iota at 0.07% (3 cases), Kappa at 0.02% (1 case), and others at 10.58% (457 cases). In 2022, Omicron accounted for 95.73% (12,070 cases) and Delta for 4.27% (539 cases). By 2023,

Table 2. The number of collected samples confirmed cases with severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 between February 2021 and August 2023

Year	Institution								Total
	Seegene medical foundation ^{a)}	Seoul clinical laboratories ^{a)}	Daegu Metropolitan City IHE	Gyeong-sangbuk-do IHE	Five medical institutes ^{b)}	Samkwang medical laboratories ^{a)}	EONE laboratories ^{a)}	Etc	
2021	2,489	657	715	367	-	24	23	44	4,319
2022	9,916	2,146	355	184	1	2	-	5	12,609
2023	2,652	230	105	35	208	-	-	1	3,231
Total	15,057	3,033	1,175	586	209	26	23	50	20,159
(%)	(74.69)	(15.05)	(5.83)	(2.91)	(1.04)	(0.13)	(0.11)	(0.25)	(100)

IHE=Institute of Health and Environment; -=not available. ^{a)}Private diagnostic referral laboratories. ^{b)}Kyungpook National University Hospital, Kyungpook National University Chilgok Hospital, Daegu Medical Center, CHA University CHA Gumi Medical Center, Soonchunhyang University Hospital Gumi.

Omicron had achieved full prevalence, accounting for 100% (3,231 cases). At the onset of the 4th wave of COVID-19 in ROK (from July 7, 2021 to January 29, 2022), Delta was the predominant variant, constituting 75.7% of cases. However, in January 2022, the proportion of Delta cases decreased to 37.8% as Omicron surged to 62.2% of cases. Since February 2022, Omicron has been the sole prevalent variant (Figure 1).

The distribution of variants among imported cases totaled 1,974, with 221 confirmed cases in 2021 (152 cases of Delta, 3 cases of Beta, 28 cases of Alpha, 2 cases of Epsilon, 21 cases of Omicron, 1 case of Iota, 1 case of Kappa, and 13 cases of other variants), 1,631 in 2022 (7 cases of Delta, 1,624 cases of Omicron), and 122 in 2023 (122 cases of Omicron).

2. Detection of Omicron and XBB Recombinant Variants

A total of 2,756 cases, including 514 imported cases and 2,242 domestic cases (1,055 in Daegu Metropolitan City and 1,187 in Gyeongsangbuk-do), were fully sequenced to monitor COVID-19 variants in the Gyeongbuk region. Omicron (BA.2) was first identified in March 2022, and the XBB recombinant variant was confirmed in November 2022. Thereafter,

the following variants were identified until August 31, 2023: Omicron BA.1 (1.16%, 32 cases), BA.2 (9.29%, 256 cases), BA.2.75 (23.99%, 661 cases), BA.4 (0.40%, 11 cases), BA.5 (36.43%, 1,004 cases), CH.1.1 (1.56%, 43 cases), EG.5 (3.19%, 88 cases), XBB (2.03%, 56 cases), XBB.1.16 (3.59%, 99 cases), XBB.1.5 (5.08%, 140 cases), XBB.1.9.1 (6.53%, 180 cases), XBB.1.9.2 (3.19%, 88 cases), XBB.2.3 (2.47%, 68 cases), and other (1.09%, 30 cases) (Table 3, Figure 2). Of the 514 internationally transmitted cases, BA.2 (10.70%, 55 cases), BA.2.75 (3.70%, 19 cases), BA.4 (1.75%, 9 cases), BA.5 (77.44%, 398 cases), CH.1.1 (1.56%, 8 cases), EG.5 (0.78%, 4 cases), XBB (0.39%, 2 cases), XBB.1.16 (0.58%, 3 cases), XBB.1.5 (1.56%, 8 cases), XBB.1.9.1 (0.58%, 3 cases), XBB.1.9.2 (0.19%, 1 case), XBB.2.3 (0.58%, 3 cases), and other variants (0.19%, 1 case) were identified.

Discussion

The Gyeongbuk RCDC has been conducting continuous surveillance since February 2021, utilizing genetic analysis to monitor the COVID-19 virus within the region since the opening of KDCA. Following the first case of COVID-19 in

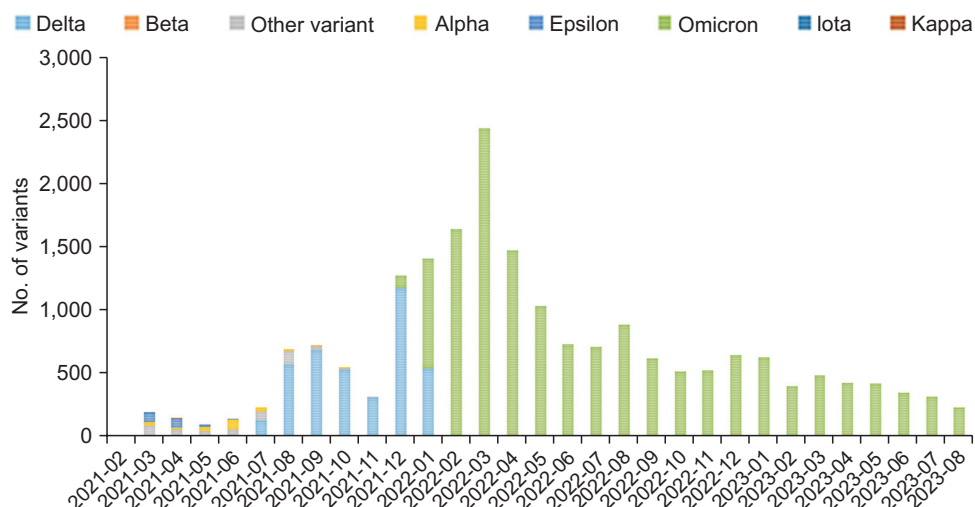


Figure 1. Occurrence of coronavirus disease 2019 variants in Gyeongbuk region (Daegu Metropolitan City, Gyeongsangbuk-do)

Table 3. Occurrence of coronavirus disease 2019 Omicron sub-variants in Gyeongbuk region

WHO name	PANGO lineage	No. of variant	Region		
			Domestic	Imported	
Omicron	BA.1	32 (1.16)	32	0	
	BA.2	256 (9.29)	201	55	
	BA.2.75	661 (23.99)	642	19	
	BA.4	11 (0.40)	2	9	
	BA.5	1,004 (36.43)	606	398	
	CH.1.1	43 (1.56)	35	8	
Recombinant	XBB	EG.5	88 (3.19)	84	4
		XBB ^{a)}	56 (2.03)	54	2
		XBB.1.16	99 (3.59)	96	3
		XBB.1.5	140 (5.08)	132	8
		XBB.1.9.1	180 (6.53)	177	3
		XBB.1.9.2	88 (3.19)	87	1
		XBB.2.3	68 (2.47)	65	3
		Other ^{b)}	30 (1.09)	29	1
		Total		2,756 (100)	2,242

Unit: n (%) or n. WHO=World Health Organization; PANGO=Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages. ^{a)}Except EG.5 and XBB.1.16·XBB.1.5·XBB.1.9.1·XBB.1.9.2·XBB.2.3, XBB sub-lineages are aggregated with XBB. ^{b)}XBC.1, XBC.1.6.1, XBF, XBJ, XBJ.1.1, XBK, XCE.

ROK (January 20, 2020), then the first (February 18, 2020 to May 5, 2020), second (August 12, 2020 to November 12, 2020), and third (November 13, 2020 to January 20, 2021) waves, February 2021 was a period of stabilization [8]. Nationally, COVID-19 variants such as Alpha (December 2020), Beta (January 2021), and Gamma (January 2021) have already emerged. In Gyeongbuk region, Alpha and Beta variants were confirmed in February and March 2021, respectively, while Gamma was not detected. Since its first detection of Omicron in Gyeongbuk region (December 12, 2021), the prevalence of Omicron escalated annually: 2.34% (101/4,319) in 2021, 95.73% (12,070/12,609 cases) in 2022, and 100% (3,231/3,231 cases) in 2023 (until August 30). Kim et al. [8] reported that since 2022, variants such as BA.1 (January–February 2022), BA.2/2.3 (March–June 2022), BA.5/5.2 (July–December 2022) have been prevalent in ROK, and

BN.1, a BA.2.75 variant, was introduced in January 2023. The study also noted a similar pattern of the variant epidemic waves in five regions of ROK (Capital region, Chungcheong region, Gyeongbuk region, Gyeongnam region, and Honam region). Moreover, the transition from Delta to Omicron followed a consistent timeline, with Omicron emerging in week 48 of 2021 and becoming predominant across all regions by week 52 of 2021, gradually increasing in prevalence thereafter [8]. In this study, the analysis was similar to previous reports, particularly highlighting the emergence of recombinant variants from November 2022 onward, with a subsequent rise in types and proportions of variants (Figure 2).

Since February 2022, NGS for SARS-CoV-2 has been systematically employed to monitor not only the complete sequence of the COVID-19 virus but also the detailed phylogeny of Omicron and recombinant variants. Within the Gyeongbuk

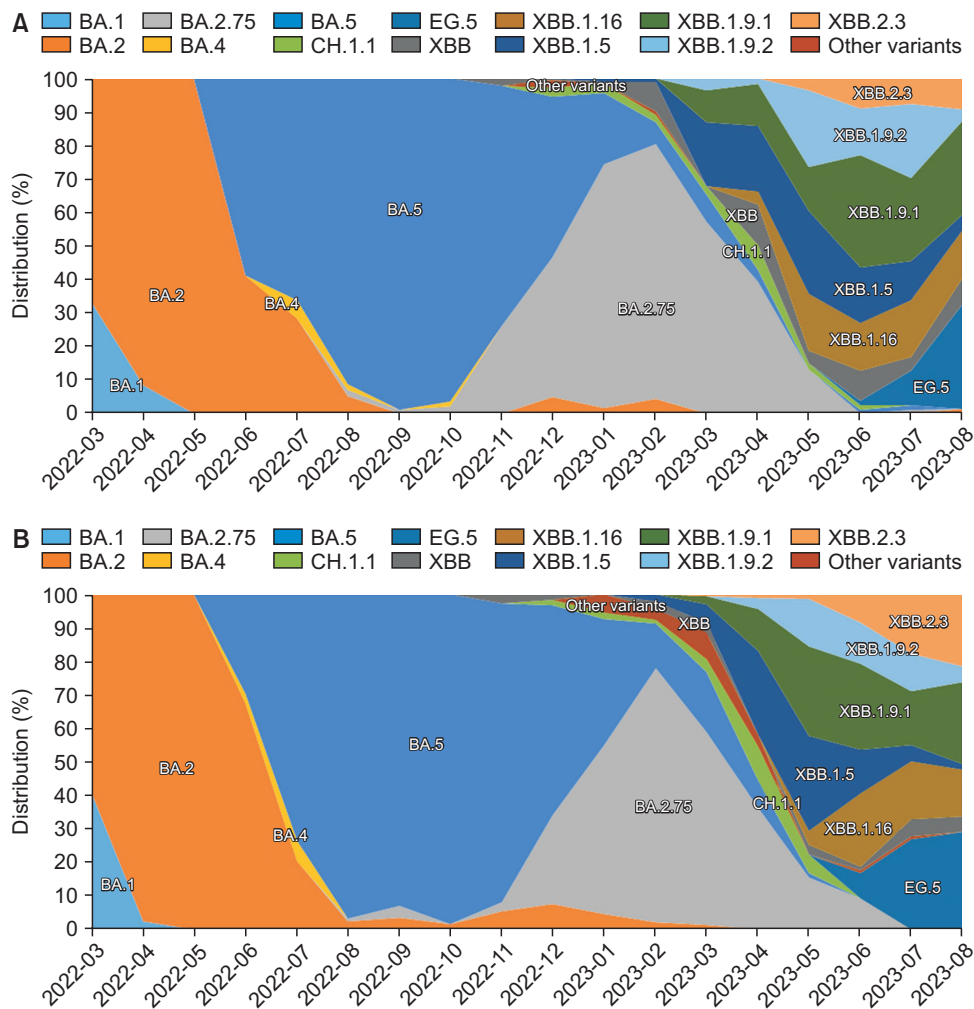


Figure 2. Monthly distribution of coronavirus disease 2019 Omicron sub-variants in Gyeongbuk region
(A) Daegu Metropolitan City, (B) Gyeongsangbuk-do

region, the surveillance period revealed a high prevalence of XBB.1.9.1, XBB.1.5, and XBB.1.16 among recombinant variants, constituting 180 (6.53%), 140 (5.08%), and 99 (3.59%) cases, respectively. XBB.1.9.1 is a sublineage of the XBB.1 gene trait, and a change in amino acid 486 of the spike protein from the hydrophobic phenylalanine to proline has been reported to be capable of evading human immune mechanisms without causing severe disease [3]. The integration of NGS facilitates simultaneous surveillance of COVID-19 variants and the comprehensive sequencing of the entire pathogen. This approach proves instrumental in analyzing the characterization of gene

detection tests and enhancing diagnostic methods by identifying variants not only in the S gene but also in the detection of target genes (E and ORF1ab) in COVID-19 variants [9,10].

With the change in the national response system to COVID-19, since August 31, 2023, the commencement of national management as a class 4 infectious disease, the perceived threat to the nation's population has decreased. However, despite the shift, the emergence of new variants persists, underscoring the importance of NGS as a robust surveillance method for pathogens circulating domestically or introduced from abroad. The Gyeongbuk region will continue to conduct

genetic analysis and actively contribute to ROK's scientific infectious disease surveillance.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: We thank the members of the Division of Emerging Infectious Disease in Korea Disease Control and Prevention Agency for supporting experimental materials and methods, and 5 local hospitals (Kyungbook National University Hospital, Kyungbook National University Chilgok Hospital, Daegu Medical Center, CHA University CHA Gumi Medical Center, Soonchunhyang University Hospital Gumi) and two private diagnostic referral laboratories (Seegene Medical Foundation, Seoul Clinical Laboratories) for providing COVID-19 positive samples.

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

Author Contributions: Conceptualization: HSY, WYC. Data curation: HSY, SHO, JSS. Formal analysis: SHO, HJK, JSS. Investigation: SHO. Methodology: YPL. Resources: YPL, GRM. Software: YPL, SHO. Supervision: WYC. Validation: HSY. Visualization: GRM. Writing – original draft: HSY, HJK, YPL, SHO. Writing – review & editing: HSY, WYC.

References

1. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 1 September 2023 [Internet]. World Health Organization; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---1-september-2023>
2. Korea Disease Control and Prevention Agency. Status of cumulative confirmed cases of COVID-19 (total surveillance) [Internet]. Korea Disease Control and Prevention Agency; 2024 [cited 2024 Jan 30]. Available from: <https://ncov.kdca.go.kr/bdBoardListR.do?brdId=1&brdGubun=11>
3. World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants [Internet]. World Health Organization; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Available from: <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
4. GISAID. Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data [Internet]. GISAID; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Available from: <https://gisaid.org/>
5. Pango Lineages [Internet]. cov-lineages.org; 2023 [cited 2023 Oct 21]. Available from: <https://cov-lineages.org>
6. Korea Disease Control and Prevention Agency Press Release [cited 2023 Sep 19] Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20501020000&bid=0015&list_no=723415&cg_code=&act=view&nPage=7
7. Kim IH, Park AK, Lee H, et al. July 2021 status and characteristics of the COVID-19 variant virus outbreak in the Republic of Korea. *Public Health Wkly Rep* 2021;14:2547-60.
8. Kim IH, No JS, Kim JA, et al. Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 variants in South Korea between January 2020 and February 2023. *Virology* 2023;587:109869.
9. Yun HS, Park JJ, Chae HG, et al. Characterization of COVID-19 diagnosis based on whole genome sequencing in Gyeongbuk region. *Public Health Wkly Rep* 2023;16:215-29.
10. Lee EJ, Hong SH, Jung SO, et al. Surveillance report of imported SARS-CoV-2 variants at Incheon International Airport and Incheon Port (February 15, 2021–March 2023). *Public Health Wkly Rep* 2023;16:883-902.

2024년 상반기 검역관리지역 및 입국자 검역 안내

신송*, 전형일, 신재귀

질병관리청 감염병위기대응국 검역정책과

초 록

질병관리청과 국립검역소는 해외에서 발생하는 감염병의 국내 유입 및 전파를 차단하기 위해 검역감염병 국내 유입 가능성이 있는 지역을 '검역관리지역' (구 '오염지역' 또는 '오염인근지역')으로 지정하여 해당 지역에서 입국하는 사람을 대상으로 검역을 수행하고 있다. 검역관리지역의 지정 및 해제는 해외 감염병 발생 동향에 따라 주기적으로 연 2회 현행화하여 시행하는 한편 갑작스러운 검역감염병이 유행 및 발생할 시에는 수시 지정할 수 있다. 본 원고에서는 2024년 1월 1일부터 새롭게 변경 시행되는 검역관리지역 등에 대해 소개하고자 한다(콜레라 26개국, 폴리오 24개국, 황열 42개국, 페스트 5개국, 중동호흡기증후군 13개국, 동물인플루엔자 인체감염증 6개국, 력기열 56개국, 치쿤구니아열 22개국, 지카바이러스감염증 14개국, 홍역 119개국).

주요 검색어: 검역감염병; 검역관리지역; 검역

서 론

질병관리청은 해외 감염병이 국내 유입·확산되는 것을 방지하고 국민의 건강을 보호하기 위해 전국 공·항만 지역에 13개 국립검역소와 11개의 지소를 설치하여 사람, 운송수단, 화물에 대한 검역(檢疫) 업무를 수행하고 있다. 특히 「검역법」 제2조(정의), 제5조(검역관리지역의 지정 및 해제)에 따라 현재 해외에서 발생하고 있는 검역감염병 10종¹⁾의 발생 지역을 '검역관리지역' (구, '오염지역' 또는 '오염인근지역')으로 지정하여 해당 지역 입국자, 운송수단 및 화물을 대상으로 「검역법」 제12조에 따른 검역조사와 같은 법 제15조의 검역조치를

수행하고 있다.

본 원고는 2024년 1월 1일부터 변경 시행되는 검역관리지역 현황과 검역관리지역에서 우리나라로 들어오는 사람을 대상으로 수행하는 검역관리에 대해 소개하고자 한다.

본 론

질병관리청은 검역법에 근거하여 국외에서 발생한 검역감염병의 발생 지역을 검역관리지역으로 지정하여 해당 지역에서 들어오는 사람, 운송수단, 화물 등을 대상으로 입국 검역을 수행하고 있다. 검역관리지역의 지정 및 해제는 1년간

Received January 22, 2024 Revised February 7, 2024 Accepted February 13, 2024

*Corresponding author: 신송, Tel: +82-43-719-9203, E-mail: clavicle@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?**

2023년 하반기에는 74개국이 검역관리지역으로 지정되었다.

② 새로이 알게 된 내용은?

검역감염병이 11종에서 14종으로 확대되었으며 2024년 상반기에는 156개국이 검역관리지역으로 지정된다.

③ 시사점은?

신속한 국외 검역관리지역 및 검역감염병의 지정은 신·변종 및 재출현 감염병의 국내 유입 및 확산을 예방 및 방지할 수 있다.

국외 발생동향 및 감염병별 위험도 평가에 근거하여 주기적으로 연 2회²⁾ 변경·시행하고 있으며 검역감염병이 해외에서 대규모로 유행 발생하거나 세계보건기구(World Health Organization, WHO)가 공중보건 위기상황(public health emergency of international concern)으로 선포하는 경우와 같이 특이사항이 발생할 경우에는 수시로 지정할 수 있다. 감염병 발생 정보는 WHO 및 해외 현지공관 등에서 제공하는 정보 등을 바탕으로 수집·관리하며 최근 1년간 검역감염병 발생 보고가 없는 경우 등 검역관리지역 지정 사유가 소멸되었을 때에는 검역관리지역 지정을 해제한다. 2023년에는 상반기에 2차례, 하반기에 2차례 검역관리지역이 변경 안내되었다.

1. 2023년 하반기 검역관리지역 등

2020년 7월 1일부터 2023년 7월 14일까지는 코로나바이러스감염증-19(코로나19)에 의해 전 세계가 검역관리지역³⁾으로 지정되어 관리가 이루어졌다.

2023년 하반기에는 콜레라 26개국, 폴리오 20개국, 황열 42개국, 페스트 4개국, 중동호흡기증후군 13개국, 동물인플루엔자 인체감염증 2개국, 에볼라 바이러스병 2개국이 검역관리지역으로 지정되었다[1]. 한편 아시아 지역의 페스트 발생이 증가됨에 따라 2023년 8월 몽골이 검역관리지역으로 추가 지정되어 안내되었다[2].

2. 검역감염병 확대 및 2024년 상반기 검역관리지역 변경 사항

질병관리청은 2023년 5월 발표한 「제1차 검역관리기본 계획」에 따라 기후변화, 해외여행 활성화 등으로 감염병 발생 가능성이 증가한 점을 고려하여 검역감염병으로 뎅기열, 치쿤구니아열, 지카바이러스감염증, 홍역 4종을 추가로 지정하는 한편, 엡폭스는 질병 특성 및 방역 상황의 안정화 등을 고려하여 검역감염병에서 해제 시행하였다(2023.12.). 이로써 검역감염병은 11종에서 14종으로 확대되었으며 2024년 1월 1일을 기준으로 검역관리지역은 기존 74개국에서 156개국⁴⁾으로 변경된다(표 1).

세부적으로 먼저 콜레라는 최근 1년 이내 100명 이상 발생이 확인된 남아프리카공화국, 도미니카공화국, 수단 3개국이 추가 지정되고, 네팔, 니제르, 베냉 3개국은 발생 후 1년 경과로 해제되어 26개국으로 시행된다. 폴리오는 1건 발생 후 지속 발생이 확인된 6개국이 지정(케냐·기니·탄자니아·부르키나파소·코트디부아르·브룬디)되고, 발생 후 1년이 경과한 가나와 토고 2개국이 해제되어 기존 20개국에서 총 24개국으로 변경 시행된다. 페스트는 1건 발생 이후에도 지속 감염 발생이 확인된 기존 4개국에서 미국의 1개 지역(콜로라도주)을 추가하여 총 5개국⁵⁾으로 변경 시행된다. 동물인

1) 콜레라, 폴리오, 황열, 페스트, 중동호흡기증후군(MERS), 동물인플루엔자 인체감염증(AI), 뎅기열, 치쿤구니아열, 지카바이러스감염증, 홍역(질병관리청장이 긴급검역조치가 필요하다고 인정하여 고시한 검역감염병 포함, 해외발생이 없는 중증 급성호흡기증후군[SARS], 신종인플루엔자는 제외, 코로나바이러스감염증-19[코로나19], 에볼라바이러스감염증은 검역관리지역 미지정).

2) 연 2회 시행(1월, 7월).

3) 검역감염병에 따른 검역관리지역 구분은 되어 있었으나 코로나19에 따라 전 세계가 검역관리지역에 해당.

4) 중북허용(검역감염병 중복지정 국가는 1개국으로 산정).

5) 미국, 중국의 경우 환자가 발생하고 있는 특정 행정단위 지정 적용.

표 1. 검역관리지역 현황(2024.1.1. 기준)

검역감염병	검역관리지역		비고
	2023년 하반기	2024년 상반기	
콜레라	<26개국> - (아시아·중동) 레바논, 방글라데시, 시리아 등 9개국 - (아프리카) 네팔, 베냉, 니제르 등 16개국 - (아메리카·오세아니아) 아이티 1개국	<26개국> - (아시아·중동) 레바논, 방글라데시, 시리아 등 9개국 - (아프리카) 남아프리카공화국, 말라위, 수단 등 15개국 - (아메리카·오세아니아) 도미니카공화국, 아이티 2개국	26→26개국 • (지정) 남아프리카공화국, 도미니카공화국, 수단 • (해제) 네팔, 베냉, 니제르
폴리오	<20개국> - (아시아·중동) 아프가니스탄, 예멘, 이스라엘 등 5개국 - (아프리카) 가나, 나이지리아, 니제르 등 15개국	<24개국> - (아시아·중동) 아프가니스탄, 예멘, 이스라엘 등 5개국 - (아프리카) 기니, 브룬디, 부르키나파소, 케냐 등 19개국	20→24개국 • (지정) 기니, 브룬디, 부르키나파소, 케냐, 코트디부아르, 탄자니아 • (해제) 가나, 토고
황열	<42개국> - (아프리카) 앙골라, 에티오피아, 케냐, 나이지리아 등 29개국 - (아메리카) 아르헨티나, 브라질, 콜롬비아, 페루 등 13개국	<42개국> - (아프리카) 앙골라, 에티오피아, 케냐, 나이지리아 등 29개국 - (아메리카) 아르헨티나, 브라질, 콜롬비아, 페루 등 13개국	-
페스트	<4개국> - (아시아·중동) 몽골, 중국 - (아프리카) 콩고민주공화국, 마다가스카르	<5개국> - (아시아·중동) 몽골, 중국 1개 지역(네이멍구자치구) - (아프리카) 콩고민주공화국, 마다가스카르 - (아메리카·오세아니아) 미국 1개 지역(콜로라도주)	4→5개국 • (지정) 미국 1개 지역(콜로라도주) ^{a)}
중동호흡기 증후군	<13개국> - (아시아·중동) 사우디아라비아, 아랍에미레이트, 오만, 카타르, 쿠웨이트, 예멘, 바레인, 요르단, 이란, 이라크, 레바논, 이스라엘, 시리아	<13개국> - (아시아·중동) 사우디아라비아, 아랍에미레이트, 오만, 카타르, 쿠웨이트, 예멘, 바레인, 요르단, 이란, 이라크, 레바논, 이스라엘, 시리아	-
동물인플루엔자 인체감염증	<2개국> - (아시아·중동) 캄보디아, 중국 6개 지역(후난성, 광둥성, 쓰촨성, 광시성, 안휘성, 장시성)	<6개국> - (아시아·중동) 캄보디아, 중국 7개 지역(후난성, 광둥성, 쓰촨성, 광시성, 안휘성, 장시성, 충칭시), 대만 - (아메리카·오세아니아) 브라질, 미국 1개 지역(미시간주) - (유럽) 영국	2→6개국 • (지정) 중국 1개 지역(충칭시) ^{a)} , 미국 1개 지역(미시간주) ^{a)} , 영국, 대만, 브라질
에볼라 바이러스병	<2개국> - (아프리카) 콩고민주공화국, 우간다	<0개국>	2→0개국 • (해제) 콩고민주공화국, 우간다
덴기열	-	<56개국> - (아시아·중동) 대만, 라오스, 말레이시아 등 12개국 - (아프리카) 말리, 부르키나파소, 세네갈 등 10개국 - (아메리카·오세아니아) 멕시코, 미국, 브라질 등 31개국 - (유럽) 스페인, 이탈리아, 프랑스 3개국	신규 지정

표 1. 계속

검역감염병	검역관리지역		비고
	2023년 하반기	2024년 상반기	
치쿤구니아열	-	<22개국> - (아시아·중동) 말레이시아, 인도, 태국, 필리핀 4개국 - (아프리카) 부르키나파소, 세네갈 2개국 - (아메리카·오세아니아) 과테말라, 니카라과, 멕시코 등 16개국	신규 지정
지카바이러스 감염증	-	<14개국> - (아메리카·오세아니아) 과테말라, 니카라과, 멕시코 등	신규 지정
홍역	-	<119개국> - (아시아·중동) 라오스, 말레이시아, 방글라데시 등 37개국 - (아프리카) 가나, 말리, 부르키나파소 등 49개국 - (아메리카·오세아니아) 뉴질랜드, 미국, 캐나다 등 6개국 - (유럽) 네덜란드, 노르웨이, 덴마크 등 27개국	신규 지정

동 기간 중 갑작스런 검역감염병(예: 코로나바이러스감염증-19) 전 세계적 유행 시, 추가 지정 가능. ^{a)}중국, 미국의 경우 특정 행정단위로 지정 가능(적용).

플루엔자 감염증은 기존 2개국에서 미국 1개 지역(미시간주), 영국, 대만, 브라질이 추가되어 총 6개국⁵⁾으로 변경 시행된다. 에볼라바이러스감염증은 1년 이상 발생이 확인되지 않은 콩고민주공화국과 우간다 모두 검역관리지역에서 해제된다.

신규 검역감염병 4종에 대해서도 1건 이상 발생 후 지속적으로 감염 발생이 확인된 지역에 대해 검역관리지역으로 지정하여 땡기열은 56개국, 치쿤구니아열은 22개국, 지카바이러스감염증은 14개국, 홍역은 119개국이 지정되며 그 외 검역감염병인 황열(42개국), 중동호흡기증후군(13개국), 코로나19(미지정)는 변경 사항 없이 유지 시행된다[3].

3. 입국자 검역관리

2024년 1월 1일부터 검역관리지역으로 지정된 156개국에서 입국하는 해외여행자에게는 감염병별 위험도 등을 고려하여 위험도가 높은 지역의 입국자에 대해서는 발열체크, 건강상태 질문서(또는 Q-CODE) 등 검역 서류를 요구하거나 필

요시 유증상자에게 검사를 요청하는 등 탄력적인 검역조치가 적용된다.

한편 질병관리청의 해외여행자 검역 인식도 조사에서 공공의 이익을 위해 검역절차 필요(70.3%, 검역 필요 인식자 [n=902] 대상) 및 입국 단계에서 신속한 검사를 통한 증상 확인(58.8%, ‘검역’ 조치 불충분 응답자[n=549] 대상)이 요청되고 있음을 확인하였다[4]. 이에 질병관리청은 검역관리지역 입국자에 대한 철저한 검역(2024년 모든 검역소 땡기열 신속 진단 추가 확대 등)을 통한 검역감염병의 해외유입 차단과 함께 Q-CODE 누리집 간소화 등 국민의 편의 증진을 위해 노력하고 있다.

결론

코로나19 이후 전 세계 해외 여행 및 교류 증가, 환경적으로 기후변화 및 미세먼지 등으로 질병 위험도가 높아지며,

감염병 주기가 짧아져 질병 유입 가능성 또한 높아질 것으로 예상된다. 이에 WHO는 신종 위협에 대한 탄력적 준비(preparedness and resilience for emerging treats)를 위해 기술 지침, 자원, 연습 등 전 세계적 조정과 국가 간 협력과 연대를 요청하고 있다. 이에 해외유입감염병의 최전선에서 감염병별 병원체 특성에 따라 분류 등 검역단계 유증상자 대상 검역조사 체계 개편을 통해 신종 및 재출현 해외감염병 유입 감시를 지속적으로 강화해 나갈 예정이다.

더불어 앞으로도 해외감염병 NOW (<http://해외감염병now.kr/nqs/oidnow/main.do>) 등 온·오프라인 채널을 통해 해외감염병 발생 정보를 국민들에게 제공하고, 해외감염병 국내 유입 차단에 필요한 입국자 검역조치를 강화하는 등 다양한 노력을 지속할 것이다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: Thanks to the Division of Risk Assessment for supporting of the risk assessment of quarantinable infectious diseases.

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

Author Contributions: Conceptualization: SS. Formal analysis: SS. Project administration: SS. Supervision: HIC, JKS. Writing – original draft: SS. Writing – review & editing: HIC, JKS.

References

1. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Information on 'Quarantine Inspection Required Area' in the second half of 2023 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Jul 17]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=723023
2. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Add information on 'Quarantine Inspection Required Area' in the second half of 2023 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Aug 28]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=723346
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Information on 'Quarantine Inspection Required Area' in the first half of 2024 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Dec 29]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=724217
4. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). '23 Public opinion survey on quarantine for overseas travelers (2023.11.). KDCA; 2023.

Information on Quarantine Inspection Required Area in the First Half of 2024 and Quarantine for Travelers

Song Shin*, Hyeng-Il Cheun, Jae-Kyee Shin

Division of Quarantine Policy, Bureau of Infectious Disease Emergency Preparedness and Response,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Chengju, Korea

ABSTRACT

Globally, numerous infectious diseases pose a risk to public health and may require isolation to prevent outbreaks. These “quarantinable infectious disease” include cholera, polio, plague, yellow fever, Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV), Ebola virus, coronavirus disease 2019, and animal influenza with human infections. The designation and release of “Quarantine Inspection Required Areas” are determined by the quarantine committee twice a year based on overseas occurrence trends, with additional updates made as necessary. As of 2024, the list of quarantine inspection required areas includes 26 countries for cholera, 24 for polio, 42 for yellow fever, 5 for plague countries, 13 for MERS-CoV, 6 for animal influenza with human infections, 56 for dengue fever, 22 for chikungunya fever, 14 for Zika virus infections, and 119 for measles.

Key words: Quarantinable infectious disease; Quarantine inspection required area; Quarantine

*Corresponding author: Song Shin, Tel: +82-43-719-9203, E-mail: clavicle@korea.kr

Introduction

To prevent the introduction and spread of infectious diseases from other countries and protect public health, the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has established 13 national quarantine stations and 11 branch offices at airports and ports nationwide. It has been conducting quarantine operations for persons, means of transportation, and cargo. In particular, according to Article 2 (Definitions) and Article 5 (Designation and cancellation of Quarantine Inspection Required Areas or similar areas) of the Quarantine Act, the KDCA has designated overseas areas with outbreaks of

10 types¹⁾ of quarantinable infectious diseases as “Quarantine Inspection Required Area” (previously, contaminated areas or areas adjacent to contaminated areas), and has been conducting quarantine inspections as stated in Article 12 of the Quarantine Act and quarantine measures as described in Article 15 of the same act, targeting persons, means of transportation, and cargo entering the Republic of Korea (ROK) from the designated areas. This article is aimed at describing the current status of the Quarantine Inspection Required Areas designated since January 1, 2024, after amendments were made and quarantine controls were implemented for persons entering ROK from Quarantine Inspection Required Areas.

Key messages

① What is known previously?

In the second half of 2023, 74 countries were designated as quarantine inspection required areas.

② What new information is presented?

The number of quarantinable infectious diseases has expanded from 11 to 14. For the first half of 2024, 156 countries will be designated as quarantine inspection required areas.

③ What are implications?

Prompt designation of quarantine inspection required areas and quarantinable infectious diseases can help prevent the domestic spread of new, mutated, and re-emerging overseas infectious diseases.

Main Text

Based on Article 5, the KDCA designates overseas areas with outbreaks of quarantinable infectious diseases as Quarantine Inspection Required Areas and conducts quarantine inspections upon entry for persons, means of transportation, and cargo entering ROK from the designated areas. Quarantine Inspection Required Areas are periodically designated and the designation is revised twice a year²⁾ based on international outbreak trends and risk assessment for each infectious disease over the course of a year.

However, in unusual situations, such as a large-scale outbreak of a quarantinable infectious disease in other countries or

the declaration of a Public Health Emergency of International Concern by the World Health Organization (WHO), Quarantine Inspection Required Areas can be designated at any time. Information on infectious disease outbreaks is collected and managed based on information provided by the WHO and diplomatic offices in foreign countries. When the reason for the designation of areas as Quarantine Inspection Required Areas has been resolved, such as when no outbreaks of quarantinable infectious diseases have been reported in the past year, the designation as Quarantine Inspection Required Areas is canceled. In 2023, the designation of Quarantine Inspection Required Areas was revised and then announced twice in the first half of the year and two more times in the second half of the year.

1. Quarantine Inspection Required Areas, etc. in the Second Half of 2023

All countries are evaluated based on overseas outbreak trends of ‘Quarantinable Infectious Diseases’ and classified as Quarantine Inspection Required Areas³⁾. However, all countries had to be designated as Quarantine Inspection Required Areas for the control of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) from July 1, 2020, to July 14, 2023, owing to COVID-19.

The Quarantine Inspection Required Areas for the second half of 2023 included 26 countries for cholera, 20 for polio, 42 for yellow fever, 4 for pest-related diseases, 13 for Middle East respiratory syndrome (MERS), 2 for animal influenza (AI) in humans, and 2 for Ebola virus disease [1]. Mongolia was

1) Cholera, polio, yellow fever, pest-related diseases, Middle East respiratory syndrome (MERS), animal influenza (AI) in humans, dengue, chikungunya, Zika virus disease, and measles (It includes quarantinable infectious diseases deemed as requiring emergency quarantine measures and publicly notified by the commissioner of the Korea Disease Control and Prevention Agency [KDCA] and excludes severe acute respiratory syndrome [SARS] and novel influenza without international outbreaks. Quarantine Inspection Required Areas for coronavirus disease 2019 [COVID-19] and Ebola virus disease were not designated.)

2) Implementing twice a year (January and July).

3) Some countries were classified as Quarantine Inspection Required Areas based on quarantinable infectious diseases. However, all countries had to be designated as Quarantine Inspection Required Areas.

additionally designated as a Quarantine Inspection Required Area in August 2023 owing to an increase in pest-related disease outbreaks in Asia [2].

2. Expansion of the Quarantinable Infectious Disease Designation and Changes to Quarantine Inspection Required Areas in the First Half of 2024

Considering the increased potential for the development of infectious diseases owing to climate changes and activation of international travel, the KDCA additionally designated four diseases including dengue, chikungunya, Zika virus disease, and measles as Quarantinable Infectious Diseases according to the First Quarantine Control Basic Plan enacted in May 2023 and canceled the designation of quarantinable infectious disease for Mpox in consideration of the characteristics of the disease and the stabilization of the prevention status (December 2023). This has expanded the quarantinable infectious disease designation from 11 diseases to 14. As of January 1, 2024, the designation of Quarantine Inspection Required Area was expanded from 74 to 156 countries⁴⁾ (Table 1).

Regarding cholera, South Africa, the Dominican Republic, and Sudan, which had over 100 confirmed cases within the past 1 year, were additionally designated as Quarantine Inspection Required Areas. On the other hand, the designation was canceled for Nepal, Niger, and Benin because it has been more than 1 year since the last case in these countries. This resulted in a total of 26 designated countries. As for polio, six countries (Kenya, Guinea, Tanzania, Burkina Faso, Ivory Coast, and Burundi) with one confirmed case followed by

persistent occurrence were designated. On the other hand, the designation was canceled for Ghana and Togo since it has been more than 1 year since the last case in these countries. This resulted in the cholera-related designation being expanded to 24 countries as opposed to 20 previously. Regarding pest-related diseases, an area of the United States (the state of Colorado) was designated in addition to the existing four countries with persistent occurrences of such outbreaks after one confirmed case, resulting in a total of five countries⁵⁾ being designated.

With regard to AI in humans, an area of the United States (the state of Michigan), the United Kingdom, Taiwan, and Brazil were added to the existing two countries, resulting in a total of six countries⁵⁾ being designated.

In the case of Ebola virus disease, the designation of Quarantine Inspection Required Area was canceled for the Democratic Republic of the Congo and Uganda, because no cases have been reported in these countries for over a year. Regarding the four novel quarantinable infectious diseases, areas with persistent infections after one or more confirmed cases were designated as Quarantine Inspection Required Areas, resulting in 56 countries being designated for dengue, 22 for chikungunya, 14 for Zika virus disease, and 119 for measles. The designations for the other Quarantinable Infectious Diseases including yellow fever (42 countries), MERS (13 countries), and COVID-19 (not designated) have not been changed [3].

3. Quarantine Control for Persons Entering the Republic of Korea

For international travelers entering ROK from the 156 countries designated as Quarantine Inspection Required Areas,

4) Duplicate designation is allowed; a country with a duplicate designation for Quarantine Inspection Required Area is counted once.

5) For the United States and China, changes will be implemented by designating each specific administrative unit in which a confirmed case is located.

Table 1. Quarantine Inspection Required Area (January 1st, 2024)

Quarantinable disease	Quarantine Inspection Required Area		Remark
	Second half of 2023	First half of 2024	
Cholera	<p><26></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) 9 countries including Lebanon, Bangladesh, Syria - (Africa) 16 countries including Nepal, Benin, Niger - (America, Oceania) Haiti 	<p><26></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) 9 countries including Lebanon, Bangladesh, Syria - (Africa) 15 countries including Republic of South Africa, Malawi, Sudan - (America, Oceania) Haiti, Dominican Republic 	<p>26→26</p> <ul style="list-style-type: none"> • (Designation) Republic of South Africa, Dominican Republic, Sudan • (Release) Nepal, Benin, Niger
Polio	<p><20></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) 5 countries including Afghanistan, Yemen, Israel - (Africa) 15 countries including Ghana, Nigeria, Niger 	<p><24></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) 5 countries including Afghanistan, Yemen, Israel - (Africa) 19 countries including Guinea, Burundi, Burkina Faso, Kenya 	<p>20→24</p> <ul style="list-style-type: none"> • (Designation) Guinea, Burundi, Burkina Faso, Kenya, Republic of Cote D'Ivoire, Tanzania • (Release) Ghana, Togo
Yellow fever	<p><42></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Africa) 29 countries including Angola, Ethiopia, Kenya, Nigeria - (America, Oceania) 13 countries including Argentina, Brazil, Colombia, Peru 	<p><42></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Africa) 29 countries including Angola, Ethiopia, Kenya, Nigeria - (America, Oceania) 13 countries including Argentina, Brazil, Colombia, Peru 	-
Palgue	<p><4></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Mongolia, China - (Africa) Democratic Republic of the Congo, Madagascar 	<p><5></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Mongolia, China 1 district (Inner Mongolian Autonomy Region) - (Africa) Democratic Republic of the Congo, Madagascar - (America, Oceania) United States of America 1 state (Colorado) 	<p>4→5</p> <ul style="list-style-type: none"> • (Designation) United States of America 1 state (Colorado)^{a)}
Middle East respiratory syndrome	<p><13></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Saudi Arabia, United Arab Emirates, Oman, Qatar, Kuwait, Yemen, Bahrain, Jordan, Iran, Iraq, Lebanon, Israel, Syrian Arab Republic 	<p><13></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Saudi Arabia, United Arab Emirates, Oman, Qatar, Kuwait, Yemen, Bahrain, Jordan, Iran, Iraq, Lebanon, Israel, Syrian Arab Republic 	-
Animal influenza human infections	<p><2></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Cambodia, China 6 districts (Hunan Province, Guangdong Province, Sichuan Province, Guangxi Province, Anhui Province, Jiangxi Province) 	<p><6></p> <ul style="list-style-type: none"> - (Asia, Middle East) Cambodia, China 7 districts (Hunan Province, Guangdong Province, Sichuan Province, Guangxi Province, Anhui Province, Jiangxi Province, Chongqing City), Taiwan - (America, Oceania) Brazil, United States of America 1 state (Michigan) - (Europe) United Kingdom 	<p>2→6</p> <ul style="list-style-type: none"> • (Designation) China 1 district (Chongqing City)^{a)}, United States of America 1 state (Michigan)^{a)}, United Kingdom, Taiwan, Brazil

Table 1. Continued

Quarantinable disease	Quarantine Inspection Required Area		Remark
	Second half of 2023	First half of 2024	
Ebola virus disease	<2> - (Africa) Democratic Republic of the Congo, Uganda	<0>	2→0 • (Release) Democratic Republic of the Congo, Uganda
Dengue fever	-	<56> - (Asia, Middle East) 12 countries including Taiwan, Laos, Malaysia - (Africa) 10 countries including Mali, Burkina Faso, Senegal - (America, Oceania) 31 countries including Mexico, United States of America, Brazil - (Europe) Spain, Italy, France	0→56
Chikungunya fever	-	<22> - (Asia, Middle East) Malaysia, India, Taiwan, Philippines - (Africa) Burkina Faso, Senegal - (America, Oceania) 16 countries including Guatemala, Nicaragua, Mexico	0→22
Zika virus infections	-	<14> - (America, Oceania) 14 countries including Guatemala, Nicaragua, Mexico	0→14
Measles	-	<119> - (Asia, Middle East) 37 countries including Lao People's Democratic Republic, Malaysia, Bangladesh - (Africa) 49 countries including Ghana, Mali, Burkina Faso - (America, Oceania) 6 countries including New Zealand, United States of America, Canada - (Europe) 27 countries including Netherlands, Norway, Denmark	0→119

In unusual situations, such as a large-scale outbreak of a quarantinable infectious disease in other countries, Quarantine Inspection Required Areas can be designated at any time. ^{a)}In the case of China and the United States, designation is applied as an administrative unit.

flexible quarantine measures have been in place since January 1, 2024. For example, individuals coming from high-risk areas will be required to undergo a fever check and submit quarantine documents such as the Health Declaration Form (or Q-CODE), considering the risk for each infectious disease. In addition, those with symptoms will be required to undergo a

test, as necessary.

A quarantine awareness survey for international travelers conducted by the KDCA found that quarantine procedures are required for the public benefit (70.3% of the people perceived a need for quarantine, n=902) and that rapid tests are needed to identify symptoms at the point of entry (58.8% of those who

found quarantine insufficient, n=549) [4]. Accordingly, the KDCA is striving to improve the public benefits by preventing the introduction of quarantinable infectious diseases into the country through thorough quarantine measures (e.g., expansion of dengue rapid tests to all quarantine stations in 2024) of those entering ROK from Quarantine Inspection Required Areas and by streamlining the Q-CODE homepage.

Conclusion

After COVID-19, the potential for disease introduction is expected to increase owing to increased global travel and exchange, environmental changes such as climate change and generation of particulate matter, and shorter cycles of infectious diseases. Accordingly, the WHO is asking for global coordination in technical guidance, resources, and exercises, as well as cooperation and solidarity among countries for Preparedness and Resilience for Emerging Threats. Thus, we will continue to strengthen the surveillance of new and re-emerging overseas infectious diseases by improving the quarantine inspection system for symptomatic individuals at the quarantine stage, including classification according to the pathogen characteristics for each infectious disease on the frontline of overseas infectious diseases. In addition, we will continue to make multifaceted efforts to provide information on outbreaks of overseas infectious diseases to the public through online and offline channels such as “해외감염병 NOW (<http://해외감염병now.kr/nqs/oidnow/main.do>)” and strengthen quarantine measures for those entering ROK to prevent the introduction of overseas infectious diseases into the country.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: Thanks to the Division of Risk Assessment for supporting of the risk assessment of quarantinable infectious diseases.

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

Author Contributions: Conceptualization: SS. Formal analysis: SS. Project administration: SS. Supervision: HIC, JKS. Writing – original draft: SS. Writing – review & editing: HIC, JKS.

References

1. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Information on ‘Quarantine Inspection Required Area’ in the second half of 2023 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Jul 17]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=723023
2. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Add information on ‘Quarantine Inspection Required Area’ in the second half of 2023 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Aug 28]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=723346
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Information on ‘Quarantine Inspection Required Area’ in the first half of 2024 [Internet]. KDCA; 2023 [cited 2023 Dec 29]. Available from: https://www.kdca.go.kr/board/board.es?mid=a20504000000&bid=0014&act=view&list_no=724217
4. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). ‘23 Public opinion survey on quarantine for overseas travelers (2023.11.). KDCA; 2023.

우울장애유병률 추이, 2014-2022년

19세 이상 성인의 우울장애유병률은 2022년 남자 3.9%, 여자 6.1%로 2020년에 비해 남녀 모두 큰 차이는 없으나, 여자의 경우 2014년에 비해 2.7%p 감소하였다(그림 1). 남자는 20대, 여자는 20-30대가 다른 연령보다 우울장애유병률이 높았다(그림 2).

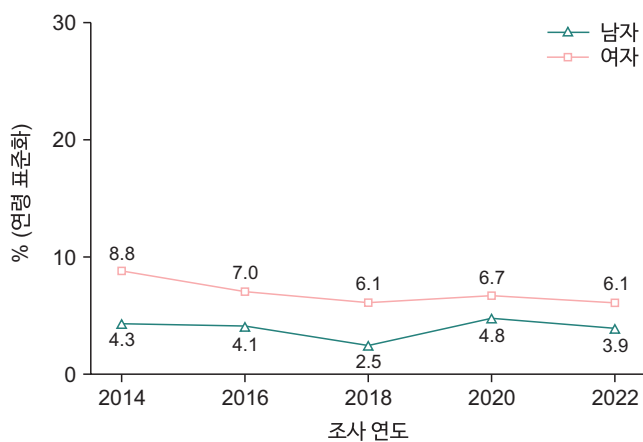


그림 1. 우울장애유병률 추이, 2014-2022년

*우울장애유병률: 우울증선별도구(PHQ-9) 총점 27점 중 10점 이상인 분율, 19세 이상

†그림 1의 연도별 지표값은 2005년 추계인구로 연령표준화

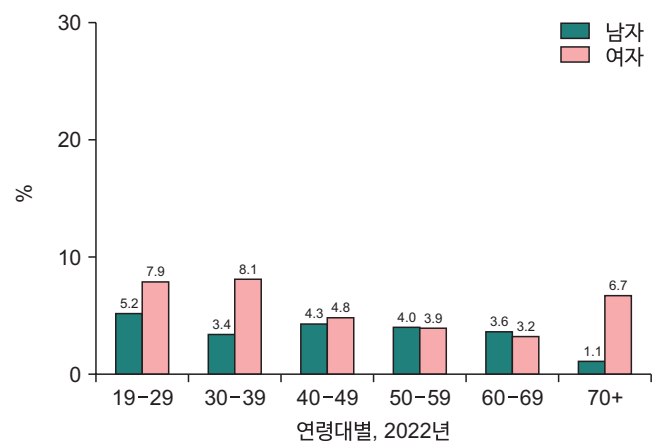


그림 2. 연령대별 우울장애유병률, 2022년

출처: 2022년 국민건강통계, <https://knhanes.kdca.go.kr/>

작성부서: 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과

QuickStats

Trends in the Prevalence of Depressive Disorder, 2014–2022

The prevalence of depressive disorder among those aged 19 years and over has not changed much compared to 2020, decreased 2.7%p among women from 2014 to 2022 (Figure 1). Men in their 30s and women in their 20s and 30s had a higher prevalence of depressive disorder than other age groups (Figure 2).

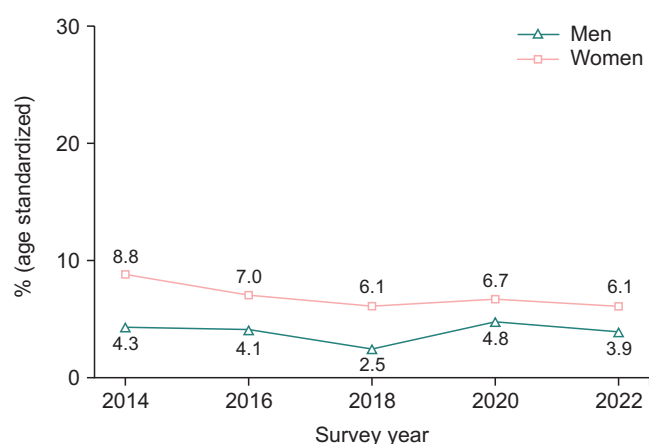


Figure 1. Trends in prevalence of depressive disorder, 2014–2022

*Prevalence of depressive disorder: percentage of 10 or more out of 27 total scores on the Patient Health Questionnaire (PHQ-9), aged 19 years and over

†The mean in Figure 1 was calculated using the direct standardization method based on a 2005 population projection.

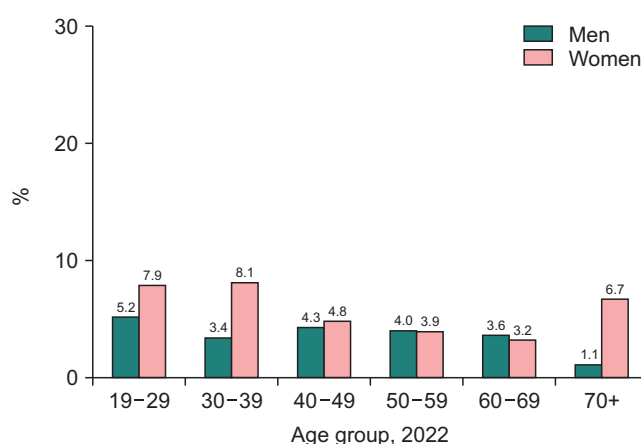


Figure 2. Prevalence of depressive disorder by age group, 2022

Source: Korea Health Statistics 2022, Korea National Health and Nutrition Examination Survey, <https://knhanes.kdca.go.kr/>

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