



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 18, No. 34, August 28, 2025

Content

리뷰와 전망

1261 국내 코로나바이러스감염증-19 예측 연구 현황 분석

정책 보고

1277 방역통합정보시스템 및 감염병 빅데이터 플랫폼 구축 개요

공중보건 이슈

1292 국내 병원체 감시 결과를 통한 2024-2025 절기 인플루엔자 바이러스 유행 특성 분석



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 국가 공중보건 관련 조사·감시·연구 결과에 대한 근거 기반의 실용적이며 권위있는 정보를 보건의료인, 공중보건 종사자, 역학자, 국민 등에게 신속하고 정확하게 제공하는 목적으로 발행된다.

주간 건강과 질병은 신속한 전문가 심사를 거쳐 감염병과 비감염성 질병, 손상과 중독, 건강증진 등과 관련된 조사/감시 보고, 집단발병 보고, 현장 보고, 연구 논문, 리뷰와 전망, 권고 보고와 정책 보고 등의 원고를 게재한다. 주간 건강과 질병은 주로 국내의 공중보건 관련 정보를 제공하지만 전 세계 연구자들의 투고를 환영한다.

About the Journal

주간 건강과 질병(eISSN: 2586-0860)은 질병관리청에서 발간하는 학술지이다.

주간 건강과 질병은 연간 50호의 주간 발간 학술지로 매주 목요일에 발행되며, 신속한 전문가 심사 과정을 통해 정보를 적시에 공유한다. 주간 건강과 질병은 오픈 액세스(Open Access) 학술지로, 저작물 이용 약관(<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)에 따라 원본이 적절히 인용되는 조건하에 제한없이 사용이 가능하다.

Submission and Subscription Information

주간 건강과 질병에 투고하고자 하는 모든 논문의 접수는 주간 건강과 질병의 온라인 투고시스템(<https://www.phwr.org/submission>)을 통해서 가능하며 논문투고 시 필요한 모든 내용은 원고 투고 규정과 보고 지침을 참고한다. 주간 건강과 질병은 학술지 홈페이지(<https://phwr.org> 또는 <https://eng.phwr.org>)를 통해 주간 단위로 게시되고 있으며, 무료로 구독 가능하다. 정기적 구독을 원하시는 분은 이메일(phwrcdc@korea.kr)로 신청할 수 있다.

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

발행일: 2025년 8월 28일

발행인: 임승관

발행처: 질병관리청

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

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

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an Open Access journal distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

편집위원장

최보울

한양대학교 의과대학

부편집위원장

곽진

전북대학교 의과대학

손현진

동아대학교 의과대학

류소연

조선대학교 의과대학

염준섭

연세대학교 의과대학

박지혁

동국대학교 의과대학

하미나

단국대학교 의과대학

편집위원

고현선

가톨릭대학교 의과대학 서울성모병원

권윤형

질병관리청

김동현

한림대학교 의과대학

김성순

질병관리청

김수영

한림대학교 의과대학

김용우

질병관리청 국립보건연구원

김윤희

인하대학교 의과대학

김은진

질병관리청

김중곤

서울의료원

김호

서울대학교 보건대학원

박영준

질병관리청

백선경

질병관리청

송경준

서울대학교병원운영 서울특별시보라매병원

송진수

서울대학교 의과대학

신다연

인하대학교 자연과학대학

안정훈

이화여자대학교 신산업융합대학

엄중식

가천대학교 의과대학

오경원

질병관리청

오주환

서울대학교 의과대학

유석현

가톨릭대학교 의과대학

유영

고려대학교 의과대학

유효순

질병관리청

이경주

국립재활원

이선희

부산대학교 의과대학

이윤환

아주대학교 의과대학

이재갑

한림대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 의과대학

이형민

질병관리청

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

가천대학교 의과대학

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

김시우

질병관리청

이은영

질병관리청

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

윤미라

질병관리청

원고편집인

조소연

(주)메드랑

국내 코로나바이러스감염증-19 예측 연구 현황 분석

김현경¹ , 류보영² , 유민규² , 김재훈² , 민경덕^{3*} ¹서울대학교 보건대학원 보건학과, ²질병관리청 질병데이터과학분석관 질병관리연구기획담당관, ³충북대학교 수의과대학

초 록

목적: 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 발생 초기에, 바이러스 특성에 대한 불확실성이 높은 상황에서 여러 예측연구가 수행되었으며, 해당 결과를 정책 수립에 활용한 바 있다. 본 연구는 국내 코로나19 유행 양상을 예측한 연구 논문에 대한 체계적인 문헌 정보 분석을 수행한 연구이다.

방법: 2020년부터 2024년 10월 15일까지 발표된 연구 논문을 138편을 대상으로, 활용한 데이터, 방법론 등을 분석하여 감염병 유행 관리를 위한 방향성과 예측 결과의 활용도를 향상시킬 수 있는 방법을 고찰하였다.

결과: 코로나19 유행 양상을 예측하기 위해 수리모형, 통계모형, 머신러닝 및 기계학습 기반 모형 등 여러 분야의 방법론이 활용되었으며, 향후 발생 양상 예측뿐만이 아닌 시행된 정책을 평가하고 시나리오 가정을 통해 효과적인 정책을 제안하는데도 예측모형이 활용되었음을 확인할 수 있었다.

결론: 본 연구의 결과를 토대로 향후 감염병 대응·대비를 위해 다학제적 협력을 통한 예측모형 개발을 반영함으로써 국민의 건강 피해를 최소화하는데 기여할 것을 기대한다.

주요 검색어: 코로나바이러스감염증-19; 단기 예측; 장기 예측; 모델링

서 론

2019년 12월 중국 후베이성 우한시에서 처음 보고된 코로나바이러스감염증-19(코로나19)이 전 세계적으로 빠르게 확산함에 따라 2020년 3월 11일 세계보건기구(World Health Organization)는 세계적 감염병 대유행인 팬데믹(pandemic)을 선언하였다. 초기 유행 단계에서 코로나19 바이러스(중증 급성호흡기증후군 코로나바이러스 2)의 감염경로, 전파력 등

역학적 특성에 불확실성이 높았다. 이에, 코로나19 전파 양상 및 규모를 예측하고 대응을 위해 개입된 여러 중재의 효과를 평가하기 위해 예측모형을 사용한 연구가 수행되었다. 결과적으로, 이러한 예측모형 연구는 감염병 확산을 효과적으로 통제하고 대응하기 위한 전략을 설계하는 데 중요한 역할을 하였다.

예측은 크게 단기 예측(forecasting)과 장기 예측(projection)으로 나눌 수 있다. 장기 예측은 주로 특정 모델이나 가정

Received February 17, 2025 Revised July 7, 2025 Accepted July 7, 2025

*Corresponding author: 민경덕, Tel: +82-43-261-8393, E-mail: kadmin@chungbuk.ac.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted 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?

감염병 예측모형을 활용하여 예측된 유행 패턴을 통해 정책 효과를 파악하고 정책적 근거 마련이 가능하다.

② 새로이 알게 된 내용은?

팬데믹 기간 동안 다수의 예측연구가 진행되었으며, 수학, 공학, 사회학 등 여러 분야의 방법론이 활용되었다. 국내 코로나바이러스감염증-19 발생 데이터를 활용하여, 해외에서도 국내 유행 양상을 예측하기 위한 예측모형을 다수 개발하였다.

③ 시사점은?

감염병 전파 차단을 위한 예측모형 정교화를 위해 다학제적 협력은 필수이며, 향후 신종감염병 대응·대비 계획에 이를 활용할 수 있다.

을 기반으로 하여 백신 접종률, 행동변화 등 특정 시나리오에서의 장기적인 추이를 보여주는 것이며, 특정 가정이 주어졌을 때 어떤 일이 일어날지 설명하려는 것이다. 반면, 단기 예측은 향후 몇 주 등 짧은 시간 범위 내에서 구체적이고 세밀한 예측치를 제공하여 앞으로의 감염병 발생 추이를 예측하려는 시도를 의미한다[1].

감염병 발생의 단기 예측은 유행 상황 인식 및 즉각적인 대응 마련에 유용하며, 시나리오 기반의 장기 예측은 장기적인 의사 결정 및 다양한 상황에서의 발생 궤적 비교가 가능하다는데 그 의미가 있다. 감염병 예측은 방역 시스템 구축에 과학적 근거를 제공하며, 발생 예측 시뮬레이션을 통해 효과적인 방역정책 수립과 선제적 위기대응 체계 마련에 기여할

수 있다. 1927년 영국의 수학자 커맥과 맥캔드릭이 제안한 S (Susceptible)-I (Infected)-R (Recovered) 구획모형이 개발된 후[2], 감염병 예측 연구가 널리 진행되었으며 최근에는 그 방법이 확장되어 머신러닝 및 딥러닝, 네트워크 분석 등 여러 분야의 방법론이 다양하게 활용되고 있다. 특히, 코로나19 유행 상황에서 미국 질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention, CDC), 유럽 질병통제예방센터(European Centre for Disease Prevention and Control) 등 해외 주요 국가 또한 예측모형을 감염병 확산 차단 및 대응 전략 수립에 활용하였다. 특히 미국 CDC의 경우 코로나19 기간 동안 100개 이상의 학계 및 연구 기관과 협력하여 확진자 수, 사망자 수, 환자 수 등의 단기 예측 결과를 웹사이트에 공개하고, 해당 결과를 정책 의사 결정에 활용한 바 있다.

향후 감염병 유행에 대한 선제적 대비·대응을 위해, 감염병 유행 규모 예측을 정교화하는 것은 필수이며[3], 본 연구에서는 이를 위해 필요한 연구 근거를 확보하고, 연구 현황, 수요 및 우선순위를 파악하고자 국내 코로나19 예측 연구 논문에 대한 문헌고찰을 수행하였다. 이를 바탕으로 감염병 유행 관리를 위한 방향성을 고찰하고, 예측 결과의 활용도를 향상시킬 수 있는 방법을 제안하고자 한다.

방 법

국내 코로나19 예측 연구 현황을 파악하기 위해 보건 의료 분야에서 가장 많이 이용되고 있는 국외 학술 논문 데이터베이스인 PubMed를 활용하여 관련된 연구 문헌을 수집하였다.

표 1. 국내 코로나바이러스감염증-19 예측 관련 출판 논문 검색식

구분	검색 단어
한국	Korea[Title/Abstract] OR "South Korea"[Title/Abstract] OR "Republic of Korea"[Title/Abstract]
코로나바이러스감염증-19	covid[Title/Abstract] OR corona[Title/Abstract] OR sars-cov-2[Title/Abstract] OR COVID-19[Title/Abstract]
예측	predict*[Title/Abstract] OR forecast*[Title/Abstract] OR project*[Title/Abstract] OR model*[Title/Abstract]

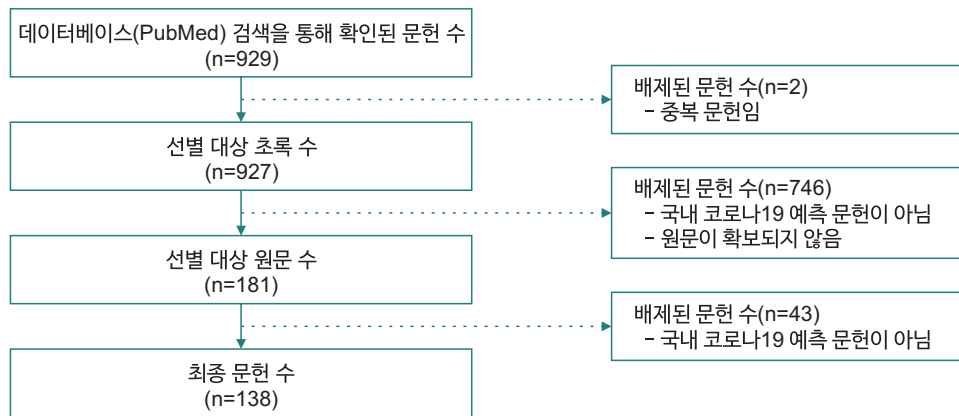


그림 1. Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta-Analyses 문헌 선정 흐름도
코로나19=코로나바이러스감염증-19.

표 2. 연도별 연구 논문 발표 현황

연도	문헌 수(건)
2020년	49
2021년	42
2022년	23
2023년	18
2024년	6
전체	138

표 3. 모형별 연구 논문 발표 현황

구분	문헌 수(건)
수리모형	97
통계모형	20
머신러닝 및 기계학습 기반 모형	11
혼합모형	10

자료검색은 2024년 10월 15일까지 이루어졌으며 검색 시작 기간은 제한 두지 않았다. 문헌을 조사하기 위해 활용한 검색 키워드는 총 3개의 카테고리(한국, 코로나19, 예측)로 구분하여 검색을 수행하였다. 검색 키워드 및 검색식은 연구진 검토를 통해 확정하였다(표 1).

본 연구는 문헌 선택과정의 체계적 기술을 위해 Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta-Analyses (PRISMA) 그룹의 흐름도를 활용하여 단계별 문헌 선택과정을 제시하였다. 문헌 선정 기준은 국내 데이터를 사용하여, 국내 코로나19 역학 지표를 예측한 연구이면서 영문으로 출판된 논문으로 그 외 논문은 제외하였다. 검색된 문헌 929개 중 연구 선정 및 제외 기준에 따라 제목과 초록을 검토하여 연구 주제에 부합한 연구 181건을 선정하였으며, 이후 전문을 검토하여 최종적으로 총 138건의 연구 논문을 선정하였다(그림 1, 보충 표 1; available online).

결 과

국내 코로나19 예측 관련 문헌 검토 결과 최근 5년간 (2020년-2024년 10월 15일) 수행된 연구 논문은 총 138건으로 나타났다. 코로나19 발생 직후인 2020년과 2021년이 각각 49건, 42건으로 가장 많았으며 최근 감소하여 2023년에는 18건의 문헌이 발표되었다(표 2). 연도별 코로나19 예측 연구 주제 및 방법론의 동향을 파악하기 위해 선정된 문헌에 대해 방법론을 확인한 결과, 구획모형(compartment model)과 행위자기반모형(agent-based model) 등의 수리모형(70.3%, 97건)이 가장 많이 활용되었다. 그 외에도 통계모형, 머신러닝 및 기계학습 기반의 예측모형, 구획모형과 머신러닝 기반의 모형을 함께 적용하는 혼합모형(hybrid model)도 사용된 것으로 확인되었다(표 3, 그림 2). 국내 코로나19 예측 연구에 활용된 모형별 특징을 보다 구체적으로 살펴본 결과, 연구자들이 각 모형을 선택하는 데 있어 연구의 목적, 데이터의 가용성, 예측 정확도 및 정책 적용 가능성 등을 종합적으로 고려한 것으로 나타났으며 각 모형별 구체적 내용, 장단점 및 주요 특

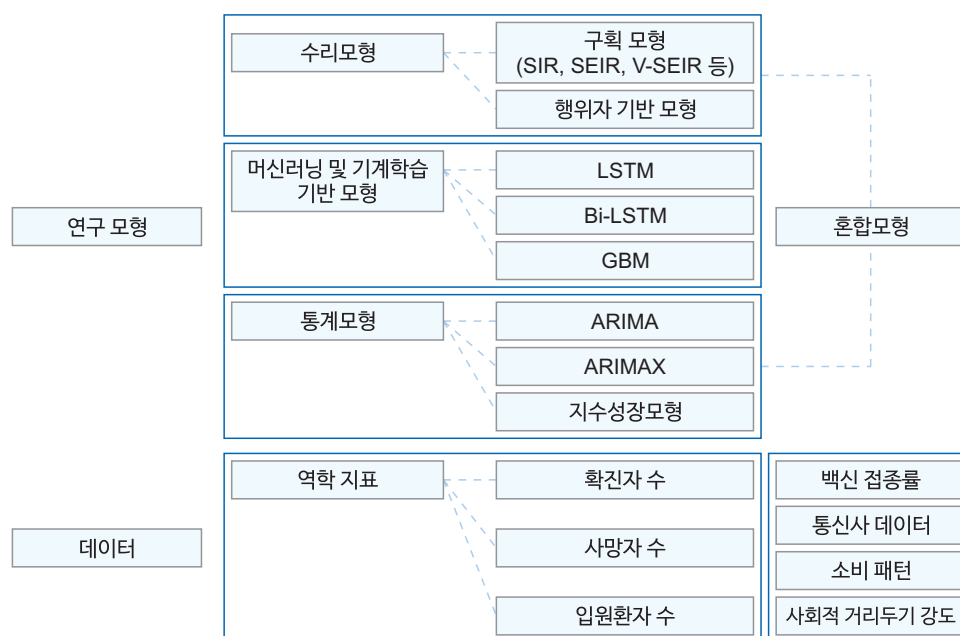


그림 2. 연구 모형 및 데이터

SIR=susceptible-infectious-recovered; SEIR=susceptible-exposed-infectious-recovered; V-SEIR=vaccinated-SEIR; LSTM=Long Short-Term Memory; GBM=Gradient Boosting Machine; ARIMA=Autoregressive Integrated Moving Average Model; ARIMAX=Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables.

정을 표 4에 정리하였다.

수리모형은 일반적으로 사용하는 전체 인구를 감염 가능성이 있는 사람(Susceptible), 감염된 사람(Infected), 질병에서 회복 또는 사망하여 감염 위험에서 벗어난 집단(Recovered)으로 나누어 모형을 설계하는 S-I-R 모형 외에, 입원 환자 집단(Hospitalized), 백신 접종 집단(Vaccinated), 격리 집단(Quarantined) 등을 반영한 SEIHR, V-SEIR, SEIHQ, SEIQRDV3P 등 여러 모형으로 발전되어 사용되었다[4-7]. 머신러닝 및 기계학습 기반 모형을 활용한 연구에서는 주로 Long Short-Term Memory (LSTM), Gradient Boosting Machine (GBM) 모형 등을 활용하여 유행 양상을 예측하였다[8-11]. 통계모형으로는 Autoregressive Integrated Moving Average Model (ARIMA), Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables (ARIMAX) 등의 시계열 모형이 가장 많이 사용되었으며, 로지스틱 성장 모형(logistic growth model), 회귀 모형(regression model) 등도 활용된 것으로 보인다[12-15]. 특히, 최근 감염병 예측을 위해 여러 분

야의 방법론을 접목한 혼합모형이 사용되고 있는데, 딥러닝 기반의 수리모형인 m-SIQRD, SIRVD-DL 등을 활용하여 코로나19 유행 양상을 예측하였다[10,16,17]. 코로나19 발생 초기에는 질병관리청에서 공개하는 확진자 수 데이터를 기반으로, 향후 확진자 수를 예측하는 단기 예측을 중심으로 연구가 진행되었으나, 예측 변수가 사망자 수, 위중증 환자 수, 감염재생산지수 등으로 확장되었다. 또한, 한국으로 제한하여 국내의 코로나19 유행 양상을 예측한 연구도 다수 진행되었으나, 이탈리아, 홍콩, 인도 등 타 국가와의 비교 연구 또한 상당수 진행되었다[18-20]. 역학 지표를 활용하여 유행 양상을 예측한 연구 외에도, 백신 접종 및 사회적 거리두기, 등교 중지, 마스크 착용, 개인의 행동 변화 등 중재의 효과를 평가하거나 인구의 이동량 등을 시나리오로 가정하여 유행 패턴의 변화를 확인한 연구도 다수 진행되었다[21-23]. 코로나19 예측을 위해 통신사, 소비패턴 등 여러 종류의 인구 이동 관련 데이터도 활용되었으며 사회적 거리두기 강도 반응을 위해 stringency index, Oxford COVID-19 Government Response

표 4. 예측모형의 주요 특징

모형	구체적 내용	장점	단점
수리모형	구획모형	• 생물학적 메커니즘 직관적 반영 • 매개변수 역학적 의미 명확 • 방역 정책 시나리오 분석 가능 • 적은 파라미터로 예측 가능	• 인구 동질성 가정으로 현실성 부족 • 단순화된 파라미터 추정으로 인한 불확실성 • 공간적 이질성 반영 어려움 • 초기 설정 민감도 높음
	행위자 기반 모형	• 개별 개체의 행동과 상호작용 모델링 • 행위자 속성과 행동 규칙 정의 • 미시적 상호작용으로 거시적 패턴 도출	• 높은 계산 복잡도 • 다수 매개변수로 검증 어려움 • 행동 규칙 설정의 주관성 • 대규모 시뮬레이션 확장성 문제
머신러닝 및 기계 학습 기반 모형	Long Short-Term Memory (LSTM)	• 시계열/순차 데이터 분석에 특화된 딥러닝 모형 • 순환 신경망의 장기 의존성 학습 • 게이트 메커니즘으로 정보 선택적 기억 • 과거 감염 데이터 패턴 학습	• 높은 예측 정확도 • 복잡한 비선형 패턴 학습 • 장기 의존성 학습 가능 • 다변량 시계열 데이터 처리 • 통계적 가정 불필요
	Gradient Boosting Machine (GBM)	• 약한 학습기(예. 결정트리) 순차적 결합 • 오차를 단계적으로 줄이는 방향으로 최종 예측모형 결정 • 다양한 특성 변수 활용 예측	• 높은 예측 정확도 • 다양한 데이터 타입 처리에 용이 • 변수 중요도 제공 • 하이퍼파라미터 튜닝 복잡 • 순차적 학습으로 병렬화 제약 • 시간 의존성 반영 한계
통계모형	ARIMA, ARIMAX	• 자기회귀, 차분, 이동평균 성분 모델링 • 비정상 시계열 정상화 예측 • Box-Jenkins 방법론 활용	• 선형 관계만 모델링 • 구조적 변화 적응성 부족 • 모델 차수 선택의 주관성 • 장기 예측 시 정확도 저하
	지수성장모형	• 감염자 수 지수적 증가 패턴 모델링·성장률 매개변수로 확산 속도 추정 • 초기 확산 단계 단순화 모델링	• 복잡한 확산 패턴 반영 한계 • 장기 예측 시 과대 추정 • 방역 정책 효과 반영 어려움 • 포화 효과 미반영
혼합모형		• 서로 다른 모델링 접근법 장점 결합 • 수리모형과 머신러닝 모형 결합, 통계모형과 기계학습 모델 앙상블 등 • 다중 스케일 모델링 접근	• 단일 모델의 한계 극복 • 예측 정확도와 해석가능성 확보 • 다양한 데이터 소스 통합 활용 • 안정적인 예측 성능 • 모델 복잡도 증가로 구현 어려움 • 계산 비용 증가 • 모델 간 가중치 결정의 복잡성 • 검증 및 해석의 어려움

SIR=susceptible-infectious-recovered; SEIR=susceptible-exposed-infectious-recovered; SIRD=susceptible-infected-recovered-deceased; ARIMA=Autoregressive Integrated Moving Average Model; ARIMAX=Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables.

Tracker index 등 여러 지표도 함께 반영되었다[24].

결론

본 연구는 국내 코로나19 유행 예측 연구의 동향 파악을 통해, 향후 감염병 유행 관리를 보다 효율적으로 수행하기 위한 기반을 마련하고자 하였다. 그 결과 코로나19 유행 양상에 대한 예측 연구는 여러 종류의 데이터와 방법론을 활용한 것으로 보이며, 기존에 잘 알려진 수리모형 외에도 머신러닝, 혼합모형 등 여러 분야의 방법론이 접목되어 활용되었다. 또한, 향후 사망자, 확진자, 입원 환자 등의 추이를 통해 유행을 예측하는 것을 넘어 시행된 정책을 평가하여 향후 의사결정에 활용될 수 있도록 하는 연구도 다수 진행되었다.

본 연구에서 분석한 예측 연구들의 후향적 검토 결과, 전반적으로 중장기 예측(1개월 이상)의 경우 변이 바이러스 출현, 방역 정책 변화, 사회적 행동 변화 등 예측 당시 고려되지 않은 요인들로 인해 실제 유행 양상과 차이를 보이는 경우가 많았다. 특히 바이러스의 변이나 특성 변화가 발생할 때마다 기존 예측모형들의 정확도가 현저히 낮아지는 것을 확인할 수 있었다. 이는 감염병 예측모형의 한계를 보여주는 동시에, 지속적인 모형 보정과 업데이트의 필요성을 시사한다.

본 연구를 통해, 예측모형이 과학적 의사결정에 미치는 영향과 다학제 협력을 통한 예측모형의 확장 가능성에 대해 확인하였으며 감염병 예측 연구의 지속적 발전을 위해 전문가 및 관련 부처 간의 협력은 필수이다. 특히 감염병 예측에 필요한 데이터와 자원을 다양한 분야 간 협력을 통해 확장함으로써 향후 감염병 유행의 불확실성을 감소시키고, 보다 효과적인 대응 체계를 구축할 수 있을 것으로 기대된다. 또한, 본 연구에서 확인된 예측 정확도의 한계를 고려할 때, 단일 모형에 의존하기보다는 다양한 방법론을 활용한 앙상블 예측과 실시간 모형 보정 시스템의 구축이 필요하다. 예측 결과 활용 시에는 예측 불확실성을 명시적으로 고려하고, 다양한 시나리오를

통한 의사결정 지원이 이루어져야 한다. 추가적으로, 연구 결과의 실효성 있는 활용을 위한 제도적 장치 마련이 요구된다. 예측 결과가 실질적으로 감염병 대응 정책에 반영될 수 있도록, 예측모형을 활용해 도출할 수 있는 시사점과 실제 방역 정책의 연계 방안을 마련해야 한다. 이를 통해 보건 당국은, 과학적 근거를 기반으로 한 선제적인 대응을 마련하고, 국민들의 안전을 확보하는 데 기여할 수 있다.

질병관리청은 전국·대규모 감염병 대유행에 대응 가능한 방역·의료 체계를 만들기 위해 국내·외 모든 공중보건위협의 포괄적 위험분석 체계를 구축 중에 있으며, 위기단계 및 상황별 위험평가를 세분화하는 표준운영절차를 마련하였고, 인공지능 모델링 등을 통해 감염병 유행규모 예측을 정교화하는 등 신종감염병 대유행 대비 중장기 계획을 수립하여 단계적 연구 추진을 위한 세부 계획을 수립한 바 있다[3]. 이러한 결과를 바탕으로, 향후 감염병 대응·대비를 위해 수학, 통계학, 인공지능, 보건학, 의학 등 여러 분야의 다학제적 협력을 통해 정교한 예측모형을 지속적으로 개발하여 감염병으로부터 국민들의 건강 피해를 최소화하는데 기여할 것을 기대한다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: HKK, KDM. Data curation: HKK. Supervision: KDM. Validation: BYR, MGY, JHK. Visualization: HKK. Writing-original draft: HKK. Writing-review & editing: HKK, KDM.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

- Massad E, Burattini MN, Lopez LF, Coutinho FA. Forecasting versus projection models in epidemiology: the case of the SARS epidemics. *Med Hypotheses* 2005;65:17-22.
- Kim JK. Achievements and challenges of mathematical model-based AI in COVID-19 response. Seoul: National Assembly Research Service; 2023 Aug. Report No.: 31-9735042-001341-14.
- Ministry of Health and Welfare, Korea Disease Control and Prevention Agency. Mid- to long-term plan for pandemic preparedness. Government of South Korea; 2023.
- Choi S, Ki M. Analyzing the effects of social distancing on the COVID-19 pandemic in Korea using mathematical modeling. *Epidemiol Health* 2020;42:e2020064.
- Wang F, Cao L, Song X. Mathematical modeling of mutated COVID-19 transmission with quarantine, isolation and vaccination. *Math Biosci Eng* 2022;19:8035-56.
- Feng XM, Chen J, Wang K, et al. Phase-adjusted estimation of the COVID-19 outbreak in South Korea under multi-source data and adjustment measures: a modelling study. *Math Biosci Eng* 2020;17:3637-48.
- Oh J, Apio C, Park T. Mathematical modeling of the impact of Omicron variant on the COVID-19 situation in South Korea. *Genomics Inform* 2022;20:e22.
- Sembiring I, Wahyuni SN, Sedyono E. LSTM algorithm optimization for COVID-19 prediction model. *Heliyon* 2024;10:e26158.
- Yang J, Shen Z, Dong X, Shang X, Li W, Xiong G. The prediction of the epidemic trend of COVID-19 using neural networks. *IFAC Pap OnLine* 2020;53:857-62.
- Goo T, Apio C, Heo G, et al. Forecasting of the COVID-19 pandemic situation of Korea. *Genomics Inform* 2021;19:e11.
- Liao Z, Song Y, Ren S, Song X, Fan X, Liao Z. VOC-DL: deep learning prediction model for COVID-19 based on VOC virus variants. *Comput Methods Programs Biomed* 2022;224:106981.
- Choi SB, Ahn I. Forecasting imported COVID-19 cases in South Korea using mobile roaming data. *PLoS One* 2020;15:e0241466.
- Duan X, Zhang X. ARIMA modelling and forecasting of irregularly patterned COVID-19 outbreaks using Japanese and South Korean data. *Data Brief* 2020;31:105779.
- Chakraborty T, Ghosh I. Real-time forecasts and risk assessment of novel coronavirus (COVID-19) cases: a data-driven analysis. *Chaos Solitons Fractals* 2020;135:109850.
- Lee DH, Kim YS, Koh YY, Song KY, Chang IH. Forecasting COVID-19 confirmed cases using empirical data analysis in Korea. *Healthcare (Basel)* 2021;9:254.
- Liao Z, Lan P, Fan X, Kelly B, Innes A, Liao Z. SIRVD-DL: a COVID-19 deep learning prediction model based on time-dependent SIRVD. *Comput Biol Med* 2021;138:104868.
- Khan JI, Ullah F, Lee S. Attention based parameter estimation and states forecasting of COVID-19 pandemic using modified SIQRD Model. *Chaos Solitons Fractals* 2022;165:112818.
- Laha AK, Majumdar S. A multi-type branching process model for epidemics with application to COVID-19. *Stoch Environ Res Risk Assess* 2023;37:305-25.
- Fisher A, Xu H, He D, Wang X. Effects of vaccination on mitigating COVID-19 outbreaks: a conceptual modeling approach. *Math Biosci Eng* 2023;20:4816-37.
- Tajmirriahi M, Amini Z, Kafieh R, Rabbani H, Mirzazadeh A, Javanmard SH. Statistical inference of COVID-19 outbreak: delay distribution effect in EQIR modeling of epidemic. *J Med Signals Sens* 2022;12:95-107.
- Kim S, Kim YJ, Peck KR, Jung E. School opening delay effect on transmission dynamics of coronavirus disease 2019 in Korea: based on mathematical modeling and simulation study. *J Korean Med Sci* 2020;35:e143.
- Bai Z, Ma Z, Jing L, et al. Estimation and sensitivity analysis of a COVID-19 model considering the use of face mask and vaccination. *Sci Rep* 2023;13:6434.
- Kim K, Kim S, Lee D, Park CY. Impacts of social distancing policy and vaccination during the COVID-19 pandemic in the Republic of Korea. *J Econ Dyn Control* 2023;150:104642.
- Chung PC, Chan TC. Impact of physical distancing policy on reducing transmission of SARS-CoV-2 globally: perspective from government's response and residents' compliance. *PLoS One* 2021;16:e0255873.

Review & Perspective

Analysis of Coronavirus Disease 2019 Prediction Studies in the Republic of Korea

Hyun-Kyung Kim¹ , Boyeong Ryu² , Min-Gyu Yoo² , Jaehoon Kim² , Kyung-Duk Min^{3*} ¹Department of Public Health Sciences, Graduate School of Public Health, Seoul National University, Seoul, Korea, ²Division of Disease Control Research Planning, Bureau of Department of Data Science, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea,³College of Veterinary Medicine, Chungbuk National University, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: During the initial outbreak of coronavirus disease 2019 (COVID-19), numerous predictive studies were conducted amid high uncertainty regarding the characteristics of the virus, and the study results were considered in the policymaking process.

Methods: This study systematically analyzed research papers that predicted the spread of COVID-19 in the Republic of Korea. Focusing on 138 studies published between 2020 and October 15, 2024, it examined the data and methodologies employed and explored ways to enhance the utility of predictive outcomes in managing infectious disease outbreaks.

Results: These methodologies included mathematical models, statistical models, and machine learning-based approaches to predict COVID-19 spread patterns. Beyond forecasting future outbreak trends, these predictive models were also instrumental in evaluating existing measures and proposing effective policies through scenario-based assumptions.

Conclusions: This study's findings highlight the importance of multidisciplinary collaboration in developing predictive models to effectively prepare for and respond to infectious diseases. By doing so, it aims to minimize the public health impacts of infectious diseases.

Key words: Coronavirus disease 2019; Forecasting; Projection; Modelling

*Corresponding author: Kyung-Duk Min, Tel: +82-43-261-8393, E-mail: kadmin@chungbuk.ac.kr

Introduction

The coronavirus disease 2019 (COVID-19), which was first detected in Wuhan, Hubei Province, China, in December 2019, rapidly spread across the globe, causing the World Health Organization to officially declare it a global pandemic on March 11, 2020. In the early stages of the outbreak, there was a high level of uncertainty regarding the epidemiological

characteristics of the COVID-19 virus (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 [SARS-CoV-2]), such as its routes of transmission and infectiousness. In response, studies using predictive models were conducted to forecast the transmission patterns and scale of COVID-19 and to evaluate the effectiveness of the various interventions implemented. These studies were instrumental in designing strategies to effectively control and respond to the spread of infectious diseases.

Key messages

① What is known previously?

Predictive models for infectious diseases can be used to analyze epidemic patterns, assess policy effectiveness, and establish policy-based evidence.

② What new information is presented?

During the pandemic, numerous prediction studies were conducted using methodologies from various fields such as mathematics, engineering, and sociology. Domestic coronavirus disease 2019 data were used to develop predictive models to forecast international epidemic trends.

③ What are implications?

Multidisciplinary collaboration is essential for refining predictive models to control the spread of infectious diseases. These models can be used in future preparedness and response plans for emerging infectious diseases.

Predictions can be broadly divided into short-term forecasting and long-term projection. Long-term projection is primarily based on specific models or assumptions and aims to show long-term trends under certain scenarios, such as vaccination rates or behavioral changes. It is intended to elucidate potential outcomes resulting from specific assumptions. In contrast, short-term forecasting refers to attempts made to predict the future course of an infectious disease over a short time frame, typically spanning a few weeks, by providing specific and detailed estimates [1].

Short-term forecasting of infectious disease outbreaks is useful for understanding the current epidemic situation and preparing prompt responses. In contrast, scenario-based long-term projections are valuable because they support long-term decision-making and facilitate comparisons of outbreak trajectories under various conditions. Infectious disease forecasting

provides scientific evidence for establishing public health systems and can contribute to the development of effective prevention policies as well as the preparation of proactive crisis response systems through outbreak prediction simulations. Since the proposal of the S (Susceptible)–I (Infected)–R (Recovered) compartmental model by British mathematicians Kermack and McKendrick in 1927 [2], extensive research has been conducted on infectious disease forecasting. In recent years, methodologies have expanded to include a variety of approaches from fields such as machine learning, deep learning, and network analysis. During the COVID-19 pandemic, major international organizations, such as the United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC) and the European Centre for Disease Prevention and Control, also used predictive models to mitigate the spread of the disease and establish effective response strategies. The U.S. CDC, in particular, collaborated with more than 100 academic and research institutions during the pandemic to generate short-term forecasts of confirmed cases, hospitalizations, and deaths. These forecasts were published on CDC's website and served as valuable insights for informing policy decision-making.

It is important to improve the accuracy of outbreak scale predictions to enable proactive preparation for future infectious disease events [3]. To support this effort, the present study conducted a literature review of domestic research papers on COVID-19 forecasting, with the aim of securing the necessary scientific evidence, understanding the current state of research, identifying existing needs, and establishing research priorities. Through this review, the study sought to explore effective strategies for managing infectious disease outbreaks and aimed to propose ways for enhancing the practical utility of forecasting results.

Methods

To understand the current state of COVID-19 forecasting research in the Republic of Korea (ROK), relevant literature was collected using PubMed, the most widely used international academic database in the field of health and medicine. The literature search was conducted until October 15, 2024, with no restrictions on the start date of the search period. Keywords used for the review were categorized into three main groups, “Korea,” “COVID-19,” and “Prediction,” and combinations of terms from these categories were used during the search. The keywords and query formulas were finalized through a review by the research team (Table 1).

The Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta-Analyses flow diagram was used to systematically describe the literature selection process, presenting each step of

the selection procedure. The literature included studies that used domestic data to predict COVID-19 epidemiological indicators in ROK and were published in English. All other papers were excluded. Out of the 929 retrieved articles, 181 that matched the research topic were selected through title and abstract screening based on the inclusion and exclusion criteria. After a full-text review, a total of 138 research papers were included in the final review (Figure 1, Supplementary Table 1; available online).

Results

A review of domestic literature on COVID-19 forecasting revealed that a total of 138 research studies were conducted over the past 5 years, from 2020 to October 15, 2024. There were a record number of publications immediately after the

Table 1. Search strategy for published papers on COVID-19 predictions in the Republic of Korea

Topic	Search strategy
Republic of Korea	Korea[Title/Abstract] OR “South Korea”[Title/Abstract] OR “Republic of Korea”[Title/Abstract]
COVID-19	covid[Title/Abstract] OR corona[Title/Abstract] OR sars-cov-2[Title/Abstract] OR COVID-19[Title/Abstract]
Prediction	predict*[Title/Abstract] OR forecast*[Title/Abstract] OR projecti*[Title/Abstract] OR model*[Title/Abstract]

COVID-19=coronavirus disease 2019.

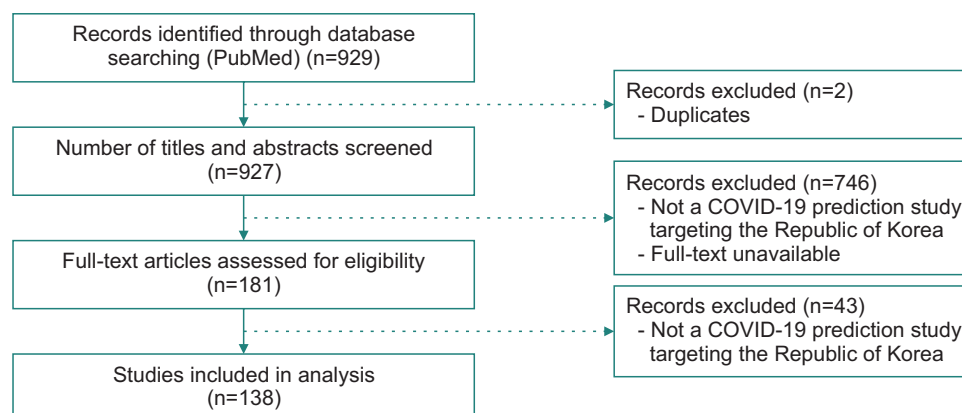


Figure 1. Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta-Analyses flow chart
COVID-19=coronavirus disease 2019.

COVID-19 outbreak, with 49 studies published in 2020 and 42 in 2021. This number has since decreased, with 18 papers published in 2023 (Table 2). Furthermore, an analysis of the selected literature, which aided in identifying trends in research topics and methodologies of COVID-19 forecasting studies by year, revealed that mathematical models, such as compartment and agent-based models, were most frequently used, accounting for 70.3% (97 studies) of the papers. Statistical models, machine learning–based predictive models, and hybrid models

that combine compartment models with machine learning approaches were also utilized (Table 3, Figure 2). A closer examination of the characteristics of the models used in domestic COVID-19 forecasting research showed that factors, such as research objectives, data availability, prediction accuracy, and policy applicability, were comprehensively considered when selecting models. Detailed descriptions, advantages and disadvantages, and key features of each model type are summarized in Table 4.

Mathematical models typically categorize the total

Table 2. Number of published research papers by year

Year	Published papers
2020	49
2021	42
2022	23
2023	18
2024	6
Total	138

Table 3. Number of published research papers by model

Model	Published papers
Mathematical models	97
Statistical models	20
Machine learning and artificial intelligence-based models	11
Mixed models	10

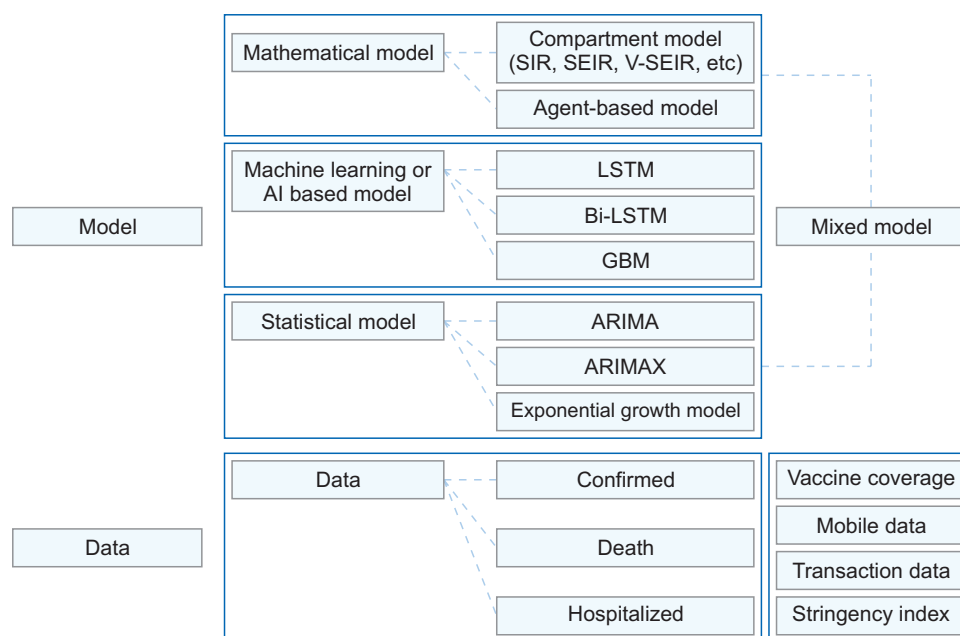


Figure 2. Model and data

SIR=susceptible-infectious-recovered; SEIR=susceptible-exposed-infectious-recovered; V-SEIR=vaccinated-SEIR; LSTM=Long Short-Term Memory; GBM=Gradient Boosting Machine; ARIMA=Autoregressive Integrated Moving Average Model; ARIMAX=Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables; AI=artificial intelligence.

Table 4. Summary of prediction models

Model type		Specific details	Strengths	Limitations
Mathematical models	Compartmental models	- Differential equation-based models (e.g., SIR, SEIR, SIRD) - Population divided into S, E, I, R, D compartments - Transition rates between compartments modeled as parameters	- Intuitive reflection of biological mechanisms - Epidemiologically meaningful parameters - Can simulate intervention scenarios - Predictive with few parameters	- Assumes homogeneous population, reducing realism - Uncertainty due to simplified parameter estimation - Difficult to reflect spatial heterogeneity - Sensitive to initial settings
	Agent-based models	- Models individual behaviors and interactions - Defines agent attributes and behavioral rules - Derives macro patterns from micro interactions	- Captures individual-level heterogeneity - Reflects spatial structures and network effects - Analyzes micro-level impacts of interventions - Represents realistic population structures	- High computational complexity - Difficult to validate due to many parameters - Subjectivity in rule setting - Scalability issues in large simulations
Machine learning models	Long Short-Term Memory (LSTM)	- Deep learning model specialized for sequential/time-series data - Learns long-term dependencies in recurrent neural networks - Selective memory through gate mechanisms - Learns patterns from past infection data	- High predictive accuracy - Learns complex nonlinear patterns - Capable of learning long-term dependencies - Can handle multivariate time-series data - No need for strict statistical assumptions	- Lack of interpretability (black-box) - Requires sufficient training data - Complex hyperparameter tuning - Limited generalizability to out-of-distribution scenarios
	Gradient Boosting Machine (GBM)	- Sequential combination of weak learners (e.g., decision trees) - Builds the final predictive model by gradually reducing errors - Utilizes various feature variables for prediction	- High predictive accuracy - Handles diverse data types - Provides variable importance metrics	- Complex hyperparameter tuning - Limited parallelization due to sequential learning - Limited in capturing temporal dependencies
Statistical models	ARIMA, ARIMAX	- Models autoregressive, differencing, and moving average components - Predicts by normalizing non-stationary time series - Uses Box-Jenkins methodology	- Systematic approach based on statistical theory - Parameters are statistically interpretable - Quantifies uncertainty via confidence intervals - Can model with small datasets	- Models only linear relationships - Poor adaptability to structural changes - Subjectivity in order selection - Reduced accuracy in long-term predictions

Table 4. Continued

Model type		Specific details	Strengths	Limitations
Statistical models	Exponential growth models	• Models exponential increase in case counts • Estimates spread speed using growth rate parameters	• Simplicity and interpretability • Rapid prediction in early spread stages • Efficient modeling with few parameters • Intuitive understanding of growth rates	• Limited in reflecting complex spread patterns • May overestimate in long-term predictions • Difficult to incorporate intervention effects • Does not reflect saturation effects
Hybrid models		• Combines advantages of different modeling approaches • Integration of compartmental models with machine learning or ensemble of statistical and machine learning models • Multi-scale modeling approach	• Overcomes limitations of single models • Ensures predictive accuracy and interpretability • Integrates diverse data sources • Provides stable prediction performance	• Increased model complexity and implementation difficulty • Higher computational cost • Complexity in determining weights among models • Challenges in validation and interpretation

SIR=susceptible-infectious-recovered; SEIR=susceptible-exposed-infectious-recovered; SIRD=susceptible-infected-recovered-deceased; ARIMA=Autoregressive Integrated Moving Average Model; ARIMAX=Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables.

population into groups such as “Susceptible,” “Infected,” and “Recovered,” the classic S-I-R model design. However, these models have evolved to incorporate additional groups, such as the “Hospitalized,” “Vaccinated,” and “Quarantined” populations, resulting in various advanced models such as SEIHR, V-SEIR, SEIHQ, and SEIQRDV3P [4-7]. In studies that used machine learning and algorithmic models, epidemic trends were primarily predicted using techniques such as the Long Short-Term Memory and Gradient Boosting Machine models [8-11]. Among statistical models, time series models such as the Autoregressive Integrated Moving Average Model (ARIMA) and Autoregressive Integrated Moving Average with Exogenous Variables (ARIMAX) were most commonly used. Logistic growth models and various regression models were additionally employed [12-15]. In recent times, there has been a notable increase in the utilization of hybrid models

that integrate methodologies from multiple disciplines for the purpose of infectious disease forecasting. Models, such as m-SIQRD and SIRVD-DL, which combine mathematical modeling with deep learning techniques, have been applied to predict the spread patterns of COVID-19 [10,16,17]. In the early stages of the COVID-19 outbreak, research primarily focused on short-term forecasting of confirmed case numbers by using data released by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Over time, however, the scope of predictive variables was expanded to include death counts, the number of critically ill patients, and the effective reproduction number (R_2). Moreover, although several studies exclusively focused on predicting the spread of COVID-19 within ROK, a considerable number of comparative studies were also conducted to include other countries such as Italy, Hong Kong, and India [18-20]. In addition to studies that predicted epidemic trends

using epidemiological indicators, many other studies evaluated the effects of interventions such as vaccination, social distancing, school closures, mask-wearing, and changes in individual behavior. Several also examined the influence of variations in population mobility, modeled through different scenarios, on the patterns of the outbreak [21-23]. Various types of mobility-related data, such as mobile carrier data and consumer behavior patterns, were used for forecasting. In addition, several indices, including the stringency index and the Oxford COVID-19 Government Response Tracker index, were incorporated to account for the intensity of social distancing measures [24].

Conclusion

The aim of the present study was to establish a foundation for more effective management of future infectious disease outbreaks by identifying trends in COVID-19 forecasting research conducted in ROK. As a result, it was found that forecasting studies on the spread of COVID-19 used a diverse range of data sources and methodologies. Approaches from other fields, such as machine learning, and hybrid models were also integrated and applied in addition to well-established mathematical models. In addition, numerous studies extended beyond simply forecasting trends in deaths, confirmed cases, or hospitalizations to evaluate the effectiveness of implemented policies in order to inform and support future decision-making processes.

A retrospective review of the studies analyzed showed that overall, medium- to long-term predictions (over a 1 month period) often differed from the actual epidemic trends owing to factors not considered at the time of prediction, such as the

emergence of new variants, changes in public health policies, and shifts in social behaviors. It was specifically observed that the accuracy of the existing predictive models significantly decreased with each occurrence of virus mutation or alteration in characteristics. This limitation of infectious disease forecasting models highlights the importance of continuous model calibration and updates.

This study confirmed the impact of predictive models on scientific decision-making and the potential for expanding these models through multidisciplinary collaboration. Continuous cooperation among experts and relevant government agencies is essential for the ongoing advancement of infectious disease forecasting research. Specifically, by expanding the data and resources available for infectious disease forecasting through multidisciplinary efforts, it is expected that uncertainties in future outbreaks can be reduced, and more effective response systems can be established. The limitations identified in the study in regard to prediction accuracy also necessitate the development of ensemble forecasting that utilizes multiple methodologies instead of relying on a single model as well as the establishment of real-time model calibration systems. When using forecasting results, it is crucial to explicitly consider prediction uncertainties and to support decision-making with a range of scenarios. There is also a need to establish institutional frameworks to ensure effective utilization of research findings. To ensure that forecasting results are practically reflected in infectious disease response policies, it is crucial to establish strong connections between insights derived from predictive models and the implementation of actual public health policies. This mechanism facilitates health authorities to proactively respond based on scientific evidence and contribute to ensuring public safety.

The KDCA is currently developing an integrated risk analysis system to monitor both domestic and international public health threats, aiming to establish a comprehensive prevention and medical response system for nationwide and large-scale infectious disease pandemics. Standard operating procedures that detail risk assessments according to crisis levels and specific situations have already been established. Moreover, the KDCA has formulated mid- to long-term plans for the prevention of novel infectious disease pandemics by refining outbreak size predictions through methods, such as artificial intelligence modeling, and by formulating comprehensive research plans for implementation in various phases [3]. Future preparedness for infectious diseases is expected to improve by the continuous development of refined predictive models through multidisciplinary collaboration across fields such as mathematics, statistics, artificial intelligence, public health, and medicine, ultimately contributing to reducing the impact on public health.

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: HKK, KDM. Data curation: HKK. Supervision: KDM. Validation: BYR, MGY, JHK. Visualization: HKK. Writing—original draft: HKK. Writing—review & editing: HKK, KDM.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

1. Massad E, Burattini MN, Lopez LF, Coutinho FA. Forecasting versus projection models in epidemiology: the case of the SARS epidemics. *Med Hypotheses* 2005;65:17–22.
2. Kim JK. Achievements and challenges of mathematical model-based AI in COVID-19 response. Seoul: National Assembly Research Service; 2023 Aug. Report No.: 31-9735042-001341-14.
3. Ministry of Health and Welfare, Korea Disease Control and Prevention Agency. Mid- to long-term plan for pandemic preparedness. Government of South Korea; 2023.
4. Choi S, Ki M. Analyzing the effects of social distancing on the COVID-19 pandemic in Korea using mathematical modeling. *Epidemiol Health* 2020;42:e2020064.
5. Wang F, Cao L, Song X. Mathematical modeling of mutated COVID-19 transmission with quarantine, isolation and vaccination. *Math Biosci Eng* 2022;19:8035–56.
6. Feng XM, Chen J, Wang K, et al. Phase-adjusted estimation of the COVID-19 outbreak in South Korea under multi-source data and adjustment measures: a modelling study. *Math Biosci Eng* 2020;17:3637–48.
7. Oh J, Apio C, Park T. Mathematical modeling of the impact of Omicron variant on the COVID-19 situation in South Korea. *Genomics Inform* 2022;20:e22.
8. Sembiring I, Wahyuni SN, Sediyo E. LSTM algorithm optimization for COVID-19 prediction model. *Heliyon* 2024;10:e26158.
9. Yang J, Shen Z, Dong X, Shang X, Li W, Xiong G. The prediction of the epidemic trend of COVID-19 using neural networks. *IFAC Pap OnLine* 2020;53:857–62.
10. Goo T, Apio C, Heo G, et al. Forecasting of the COVID-19 pandemic situation of Korea. *Genomics Inform* 2021;19:e11.
11. Liao Z, Song Y, Ren S, Song X, Fan X, Liao Z. VOC-DL: deep learning prediction model for COVID-19 based on VOC virus variants. *Comput Methods Programs Biomed* 2022;224:106981.
12. Choi SB, Ahn I. Forecasting imported COVID-19 cases in South Korea using mobile roaming data. *PLoS One*

- 2020;15:e0241466.
13. Duan X, Zhang X. ARIMA modelling and forecasting of irregularly patterned COVID-19 outbreaks using Japanese and South Korean data. *Data Brief* 2020;31:105779.
14. Chakraborty T, Ghosh I. Real-time forecasts and risk assessment of novel coronavirus (COVID-19) cases: a data-driven analysis. *Chaos Solitons Fractals* 2020;135:109850.
15. Lee DH, Kim YS, Koh YY, Song KY, Chang IH. Forecasting COVID-19 confirmed cases using empirical data analysis in Korea. *Healthcare (Basel)* 2021;9:254.
16. Liao Z, Lan P, Fan X, Kelly B, Innes A, Liao Z. SIRVD-DL: a COVID-19 deep learning prediction model based on time-dependent SIRVD. *Comput Biol Med* 2021;138:104868.
17. Khan JI, Ullah F, Lee S. Attention based parameter estimation and states forecasting of COVID-19 pandemic using modified SIQRD Model. *Chaos Solitons Fractals* 2022;165:112818.
18. Laha AK, Majumdar S. A multi-type branching process model for epidemics with application to COVID-19. *Stoch Environ Res Risk Assess* 2023;37:305-25.
19. Fisher A, Xu H, He D, Wang X. Effects of vaccination on mitigating COVID-19 outbreaks: a conceptual modeling approach. *Math Biosci Eng* 2023;20:4816-37.
20. Tajmirriahi M, Amini Z, Kafieh R, Rabbani H, Mirzazadeh A, Javanmard SH. Statistical inference of COVID-19 outbreak: delay distribution effect in EQIR modeling of epidemic. *J Med Signals Sens* 2022;12:95-107.
21. Kim S, Kim YJ, Peck KR, Jung E. School opening delay effect on transmission dynamics of coronavirus disease 2019 in Korea: based on mathematical modeling and simulation study. *J Korean Med Sci* 2020;35:e143.
22. Bai Z, Ma Z, Jing L, et al. Estimation and sensitivity analysis of a COVID-19 model considering the use of face mask and vaccination. *Sci Rep* 2023;13:6434.
23. Kim K, Kim S, Lee D, Park CY. Impacts of social distancing policy and vaccination during the COVID-19 pandemic in the Republic of Korea. *J Econ Dyn Control* 2023;150:104642.
24. Chung PC, Chan TC. Impact of physical distancing policy on reducing transmission of SARS-CoV-2 globally: perspective from government's response and residents' compliance. *PLoS One* 2021;16:e0255873.

방역통합정보시스템 및 감염병 빅데이터 플랫폼 구축 개요

박종현 , 하선영 , 김성순*

질병관리청 질병데이터과학분석관 역학데이터분석담당관

초 록

목적: 감염병 대응의 신속성과 효율성을 높이기 위해 개편된 방역통합정보시스템과 감염병 빅데이터 플랫폼의 주요 기능을 소개하고자 한다.

방법: 코로나바이러스감염증-19 팬데믹 이후 그간 운영되던 시스템의 한계점을 분석하고, 이를 해결하기 위해 구축한 방역통합정보시스템의 핵심가치와 기본 방향을 설정하고 세부 추진방향을 수립하였다.

결과: 방역통합정보시스템은 고유식별정보를 기반으로 감염병 대응의 전과정 및 공적 정보시스템과 연계하여 데이터 정확성과 편의성을 높였으며, 서식 표준화를 통해 감염병별 분석 체계를 일원화하였다. 또한 감염병 빅데이터 플랫폼을 통한 통계산출 및 맞춤형 분석을 지원하고 있으며, 대규모 정보의 안정적 처리를 위해 국가정보자원관리원에 입주하여 속도와 성능을 향상시켰다.

결론: 본 시스템은 방역정보의 표준화와 연계를 기반으로 신속하고 정밀한 감염병 대응을 가능하게 하였으며, 향후 팬데믹 대비와 방역 고도화를 위한 핵심 인프라로 기능할 것으로 기대된다.

주요 검색어: 방역통합정보시스템; 감염병 빅데이터 플랫폼; 정보 통합연계; 역학조사 표준화

서 론

질병관리청은 감염병 신고 보고, 역학조사 등 업무를 지원하는 ‘감염병관리통합정보지원시스템(감염병시스템)’, 해외입국자 및 선박·항공기 등을 대상으로 한 검역조사 업무를 지원하는 ‘검역정보시스템(검역시스템)’을 운영해 왔다. 그러나 2020년 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 팬데믹 발생 이후 방역제도 변화를 신속히 지원하고 급증하는 확진자에 따른 시스템 부하를 고려하여 ‘코로나19 정보관리시스템(코로나19

시스템)’을 구축하여 대응하였다. 그러나, 각 시스템이 상호 연계되지 않고 분절적으로 운영되어 일부 기능 중복, 정보공유 어려움 등 방역대응의 효율성이 저하되었다.

질병관리청은 신속하고 효율적인 방역업무를 지원하기 위해 2022년 11월부터 감염병시스템, 검역시스템, 코로나19시스템을 통합하고 신고 보고, 역학조사 등 주요 데이터를 표준화한 ‘방역통합정보시스템 및 빅데이터 플랫폼 구축 사업’을 추진하였다. 2024년 1월부터 방역통합정보시스템, 6월부터 ‘감염병 빅데이터 플랫폼’ 운영을 시작하여 방역통합정보시스

Received May 30, 2025 Revised July 10, 2025 Accepted July 15, 2025

*Corresponding author: 김성순, Tel: +82-43-719-7950, E-mail: sskim0719@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted 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?**

2023년도까지 감염병관리통합정보지원시스템, 검역정보시스템, 코로나19 정보관리시스템을 운영하였다.

② 새로이 알게 된 내용은?

방역통합정보시스템은 감염병 대응의 전과정을 연결하고 공공기관의 정보를 연계하여 데이터의 정확성과 편의성을 높였다. 역학조사 표준화로 신속한 변경을 지원하고 감염병 빅데이터 플랫폼 구축으로 통계 자동 산출을 지원하였다.

③ 시사점은?

감염병 대응과정을 연계하고 정보의 정합성을 확보한 방역통합정보시스템은 향후 팬데믹 발생 시 감염병 대응의 핵심 기반이 될 것이며, 감염병 빅데이터 플랫폼을 통해 감염병 관련 정책 연구 및 분석을 지원할 수 있을 것이다.

템 데이터를 기반으로 감염병 발생 통계를 자동 산출하고 맞춤형 분석을 지원하는 등 효율적인 감염병 대응 업무를 위해 지속적으로 노력하고 있다.

방 법**1. 추진배경**

코로나19는 단기간 내 전 세계적으로 확산되며 인류가 경험한 가장 심각한 보건 위기 중 하나로 자리매김하였다. 우리나라 또한 초기 대응 과정에서 감염병 관리체계뿐 아니라 정보시스템 운영에 여러 한계에 직면하였다. 기존 법정 전수 감시 감염병 합산 최대 신고 실적이 연 16만 건(2018년)이었는데 코로나19 확산 시기 일 최대 62만 명 이상의 신고가 있어 기존 시스템만으로는 운영이 사실상 불가능한 상황이었다. 심지어 감염병 관련 정보는 감염병시스템, 검역시스템, 코로나19시스템 등으로 분산되어 있었고, 이들 간 연계 부족으로 인해 정보 공유의 지연과 오류가 반복되었다. 특히 신고 보

고-병원체-역학조사-환자관리 등 감염병 대응에 핵심적인 정보가 분절적으로 운영되어 실제 방역 현장에서는 효율적인 의사결정이 어려운 상황이 자주 발생하였다.

이에 따라 감염병 대응 전 주기에 걸쳐 발생하는 정보를 통합 관리하여 감염병 위기에 효과적으로 대응하고 정책에 활용할 수 있는 새로운 정보체계의 필요성이 강하게 제기되었다. 이러한 요구에 따라 질병관리청은 방역 관련 주요 시스템들을 하나의 통합 플랫폼으로 재설계하여 단일 시스템 내에서 감염병 정보를 표준화하고, 신속히 처리·공유할 수 있는 방역통합정보시스템 구축에 나서게 되었다.

2. 해외사례 분석

우리나라는 각 시스템 간 정보 연계가 미흡하여 발생부터 대응까지의 전 주기 데이터 흐름이 단절되고, 현장 중심의 신속한 조치가 어렵다는 문제가 지적되었다. 미국과 유럽에서도 각 시스템 간 정보의 분산에 대한 문제점을 해결한 사례가 있어 방역통합정보시스템 구축 시 참고하였다.

미국은 감염병 정보를 주(州) 단위로 분산하여 관리하는 구조적 특성으로 인해, 여러 주에 걸친 감염병 확산에 대해 국가 차원의 신속한 조기 대응이 어려운 문제가 있었다. 이에 미국 질병통제예방센터(Centers for Disease Control and Prevention)는 2000년대 초반 기존의 국가감염병감시체계(National Notifiable Diseases Surveillance System) 등 여러 감시체계를 국가전자질병감시시스템(National Electronic Disease Surveillance System)으로 통합하고, 임상정보시스템 및 자동화된 실험실 보고와의 연계를 통해 정확성, 완전성, 적시성을 갖춘 통합 감염병 정보 인프라를 구축하였다[1,2].

유럽 또한 2003년부터 본격적으로 각국의 보고 체계를 통합하여 유럽 질병통제예방센터(European Centre for Disease Prevention and Control)가 주관하는 The European Surveillance System (TESSy)을 통해 감염병 데이터를 일원적으로 수집·관리하고 있다. TESSy는 회원국 간 데이터 수집

형식이 상이하고 중복 보고되는 등 비표준화 문제를 극복하기 위해 도입되었으며, ‘원스톱 감시체계(one-stop surveillance system)’를 구축함으로써 국경 간 감염병 확산에 대한 공동 대응의 기반이 되고 있다[3].

이처럼 미국은 ‘주 단위 분산운영’을 유럽은 ‘국가 간 이질성’을 우리는 ‘전 주기 단절’의 해결이라는 각기 다른 핵심 과제를 갖고 있으나 공통적으로 감염병 정보의 표준화, 실시간 공유, 체계 간 연계성 등을 위해 통합 시스템 구축의 필요성에 도달하고 있다는 점에서 시사점이 크다. 우리나라도 감염병 발생부터 대응까지의 과정을 단일 플랫폼에서 연결·관리할 수 있는 통합정보시스템을 구축하여 감염병 대응 역량을 실질적으로 강화할 것을 목표로 하였다.

결 과

1. 그간 시스템 운영 현황 및 문제점

감염병 정보관리 및 코로나19 확산에 대응하기 위하여 이미 운영 중인 시스템은 크게 3가지였다. 첫째, 감염병시스템은 2015년 중동호흡기증후군(Middle East Respiratory Syndrome) 국내 유행 당시 시스템 부재로 중앙-지방정부 간 상황전파의 어려움, 투명한 정보공개 곤란 등의 한계를 극복하기 위해 감염병 관리 기능을 일원화하였다. 이를 통해 감염병 발생신고 및 상황전파(환자감시), 검사·진단(병원체), 확진자 사례조사(역학조사) 및 국가격리병상 현황 관리 등을 수행하였다. 둘째, 검역시스템은 해외 감염병 입국자의 입국 시 건강상태 신고, 감염병 의심 환자 보고·통보 및 선박·항공기 검역 결과 전산화를 위해 구축되어 검역(사람) 및 검사(선박 및 항공기), 출국자 예방접종 및 증명서 발급, 소독결과 등록 등 검역관 업무 전반을 지원하였다. 마지막으로 코로나19 시스템은 코로나19 대유행에 효과적으로 대응하기 위해 구축하였으며, 기존 감염병시스템의 기본 체계는 유지하되 코로나19 대응을 위한 별도 기능을 추가하여 코로나19만의 업무처

리 전용으로 구축하여 2020년 12월 개통하였다. 선별진료소 운영(전자문진표 등), 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction) 검사비용 정산, 자기기입식 역학조사, 코로나19 예방접종정보 연계 및 방역패스 등 전자증명서 발급이 주요 기능이었다.

이러한 구조는 검역, 신고 보고, 병원체 확인, 역학조사 등 각 정보가 별도로 관리되어 연계되지 않았고, 감염병 환자 신고 보고 시 주민등록번호 검증을 하지 않아 격리 및 입원치료 관리에 애로 발생, 재감염·중복 신고, 다른 감염병 신고 이력 확인 불가 등 개인단위 이력의 체계적 관리가 어려웠다. 이로 인해 통계 생산과 핵심 지표 산출에 과도한 인력과 시간이 투입되었고, 중앙방역대책본부, 중앙사고수습본부, 지방자치단체(지자체) 등에서 방역 통계를 별도로 생산하는 등 적시 제공에 어려움이 있었다. 또한 기존 감염병시스템은 입력 정보의 통일성과 표준화가 부족하고, 항목 추가 시에도 일관된 정보 축적이 어려워 시스템 복잡도를 높이는 원인이 되었다.

2. 방역통합정보시스템 핵심가치와 기본방향

그간 운영되던 시스템의 한계점을 해결하기 위해 방역통합정보시스템을 구축했으며, 크게 3가지 목표를 설정하였다.

1) 업무의 효율성

고유식별정보를 기반으로 감염병 대응의 전과정(검역, 신고 보고, 병원체 확인, 역학조사 등) 및 공적 정보시스템(행정안전부, 국민건강보험공단 등)과 연계하여, 데이터의 정확성과 정합성을 확보하고자 했다. 사용자 입력의 편의를 개선하고 입력 정보 오류를 최소화하였고, 공공성이 확보된 클라우드 환경에서 신규 빅데이터 플랫폼을 구축하였다. 또한 카카오, 네이버 등 민간 플랫폼과의 협업을 통해 대국민 편의성을 증진하고자 하였다.

2) 정보의 활용 가능성

감염병 관련 정보를 수집 단계부터 체계적으로 표준화하여 정보의 품질은 높이고, 수집·연계된 정보를 비식별화하여 연구 분석의 원천 자료로 생산·관리하며, 이를 개방함으로써 민간의 전문성을 최대한 활용하고 감염병 대응에 과학적 근거를 마련하고자 하였다.

3) 정보의 정합성 및 수집 타당성

관련 법령, 지침 및 기존 운영 중인 시스템을 분석하여 상호 정합성을 확인하고, 권한 및 정보 접근 체계를 정비하였다. 또한 역학조사 사전 고지 의무와 정보 연계·열람 가능 범위 설정 등을 통해 정보 수집의 타당성을 확보하고자 하였다.

3. 방역통합정보시스템 구축의 세부 추진방향

1) 감염병 전 대응과정 정보 통합·연계

검역부터 신고 보고, 병원체 확인, 역학조사, 환자관리가

지 감염병 대응 단계별 정보를 연계하여 칸막이는 제거하고 분절된 시스템을 통합하였다. 또한 외부 공적 정보시스템과 연계·검증을 강화하여 수집 정보의 정확성 및 신뢰성을 확보하게 되었다. 특히, 내국인 환자 보고 시 행정안전부 주민등록정보시스템을 통해 성명, 주민등록번호, 주민등록주소를 실시간으로 검증하고, 외국인 환자에 대해서는 법무부 외국인 기본 인적 정보를 활용하여 성명, 국적, 생년월일, 성별, 외국인등록번호를 확인하였다. 이를 통해 감염병 환자 보고 단계에서 정보를 실시간으로 검증하여 정확성을 확보하고, 주소지 기반으로 관할 보건소에 보고 건이 자동 배정되도록 하였다. 이처럼 검역단계에서 인지한 유증상자 및 감염병 환자정보는 지자체, 질병관리청 각 기관 업무 담당자가 확인할 수 있게 방역통합정보시스템으로 보고·통보되고 이후 병원체 검사나 역학조사 등 후속 업무까지 자동으로 연계되도록 재설계하였다. 이로써 환자 개인에 대한 감염병 이력 관리가 가능하게 되었다(그림 1).

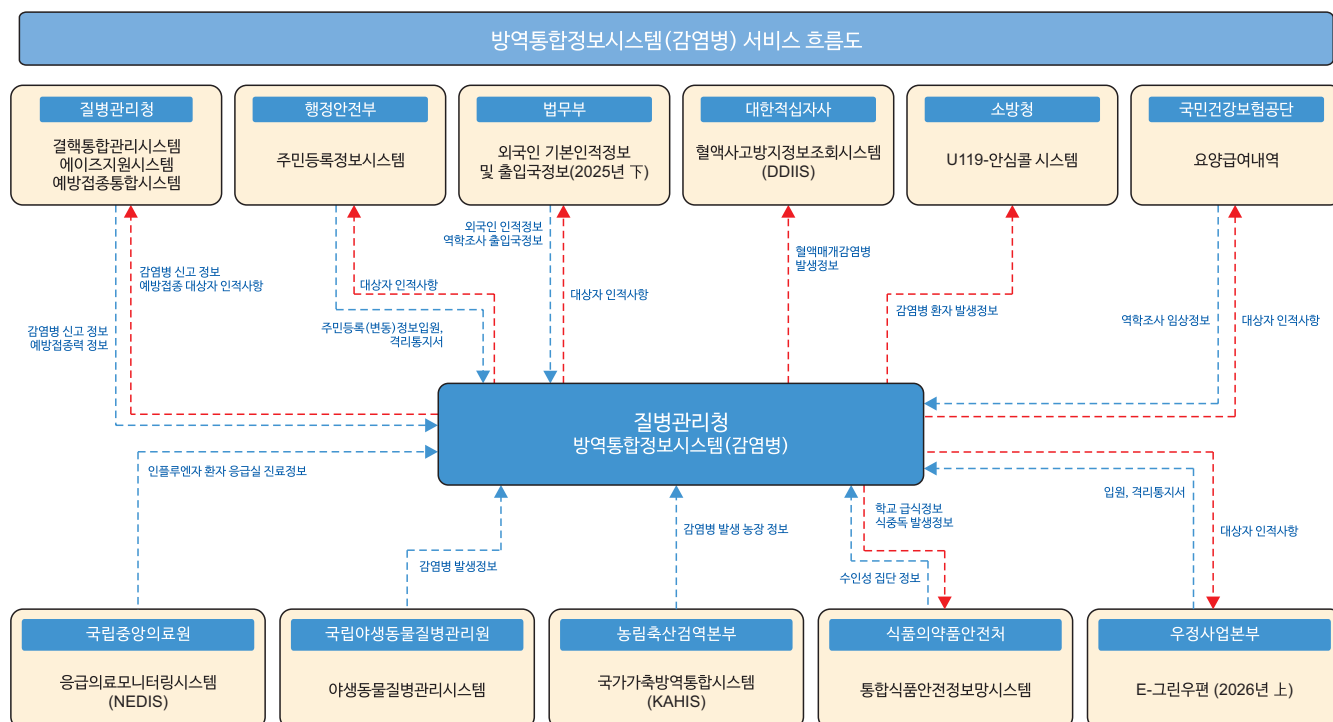


그림 1. 방역통합정보시스템 연계현황

DDIIS=Donor Deferral Information Inquiry System; U=ubiquitous; NEDIS=National Emergency Department Information System; KAHIS=Korea Animal Health Integrated System.

2) 역학조사 표준화

제1-3급 전수감시 감염병의 역학조사 수집 정보를 11개 대분류로 모듈화하여 재구성하였으며, 대분류별로 구성요소를 분리하여 관리할 수 있도록 설계하였다. 이로써, 공통 항목을 변경할 때는 감염병별로 각각 수정하지 않고 하나의 공통 모듈만 수정해도 전체 감염병 서식에 자동으로 반영되어 신규 항목을 추가하거나 서식을 수정할 때 신속한 변경이 가능하게 되었다(그림 2). 또한, 직업(한국표준직업분류), 국가(ISO 3166), 기저질환(한국표준질병·사인분류) 등과 같이 표준코드가 있는 경우 이를 그대로 사용하고, 그 외 항목들은 모든 감염병이 동일한 항목을 사용토록 수집 항목을 표준화하였다. 일례로 기존 역학조사서에서는 ‘세파졸린’을 ‘Cefa’, ‘세파’, ‘세파졸린’, ‘Cefazolin’, ‘Cefazoline’ 등으로 혼재하여 사용하였다. 이를 ‘세파졸린’으로 표준화하여 하나의 항목과 데이터로 관리하고 있다.

감염병의 전파특성이나 현장 상황에 따라 주민등록주소지가 아니더라도 실거주지, 감염추정지역 등 실제로 감염병 환자를 관리하는 보건소에서 역학조사 및 환자 관리 등을 수행할 수 있도록 하고, 여러 지역에 걸친 집단사례가 발생한 경우

협조 보건소를 지정하여 다수의 보건소 간 정보 공유 및 합동 조사가 가능하도록 구조를 개편하였다.

3) 감염병 빅데이터 플랫폼 구축

감염병별 통계 산출 및 분석은 정기적으로 필요하나 해당 자료의 정제, 결합 등 단순하고 반복적인 작업에 많은 시간을 소모하는 상황이었다. 이에 방역통합정보시스템에서 수집한 정보를 기반으로 사용자가 필요한 통계를 자동으로 산출하고 원하는 결과를 얻을 수 있도록 지원하며, 가명처리 데이터를 연구자 수요에 맞춰 제공하는 등 정책연구 및 분석을 지원하는 감염병 빅데이터 플랫폼을 구축하였다. 이를 통해 주기적으로 산출하는 감염병 발생 보고 등 기본 감염병 통계는 통계 산출 메뉴를 통해 추출하도록 하고, 역학조사 분석뿐 아니라 병원체검사 판정 결과, 병원체 검사법, 의료기관 이용 현황 등 다양한 분석 지표와 관점을 기반으로 데이터를 시각화하는 등 사용자 맞춤형 분석을 지원하였다. 또한 시스템 내 사전 정의된 데이터 외에도 사용자가 직접 구성한 별도의 데이터를 분석 대상에 포함시킬 수 있어 유연한 분석 환경을 제공하였다. 이러한 기능을 바탕으로 수집된 데이터를 실질적인 정책 지원

Level 1 (감염병 전체 공통)	성명, 연령, 성별, 주소, 국적 등 기본 인적 정보					
Level 2 (감염병 특성 유형)	예방접종 대상 감염병 공통 수집정보		수인성 감염병 공통 수집정보		... ^{a)}	
	예방접종력, 주요증상 등		주요증상, 병원체검사, 음식섭취력 등		...	
Level 3 (개별 감염병별 특성)	파상풍	백일해	콜레라	비브리오패혈증	...	...
	· 해외방문력	· 병원체검사 · 기저질환 · 투약약물 · 접촉자 조사 등	· 해외방문력 · 예방접종력	· 해외방문력 · 임상정보	...	...

그림 2. 역학조사 수집 정보의 모듈화 적용 방향

^{a)}Level 2 (감염병 유형)·Level 3 (개별 감염병별 특성)을 고려하여 역학조사 수집 정보 모듈화.

에 활용할 수 있게 되었으며 실제로 방역통합정보시스템에서 수집된 정보로 백일해 유행 조사 보고[4], 수인성 및 식품매개 감염병 유행 현황[5] 분석 등이 수행되었다(그림 3).

4) 감염병 대응관리 소통 강화 및 인프라 고도화

입원·격리 사실확인서는 정부 24 누리집을 통해 발급하고, 입원격리통지서를 국민비서 서비스와 연계하여 모바일 앱으로 제공하는 등 대국민 증명서 발급 서비스와 소통 창구 마련에 노력하였다. 또한 대규모 정보의 안정적 처리를 위해 행정안전부 국가정보자원관리원 내 클라우드 기반으로 구성되어 향후 팬데믹에 대비하여 방역통합정보시스템 운영에 유연성을 확보하였다.

결 론

방역통합정보시스템 구축을 통해 감염병 대응 단계별로 분절되어 있던 시스템을 통합하고, 대규모 환자 발생 시에도 유연하게 확장 가능한 구조로 기존 시스템의 한계를 극복하였

다. 또한 법령 및 지침과 상이했던 기능을 재정비하고 개인단위 정보관리 체계를 마련하였으며, 통계 산출의 자동화와 질병관리청 시스템 중심의 일원화를 실현하는 한편, 정보 수집 항목과 체계를 정비하여 제도적 문제점도 함께 해결하였다.

방역통합정보시스템은 코로나19 위기를 계기로 구축되었으나, 단기적 위기 대응 수단을 넘어서 장기적인 감염병 관리 패러다임을 바꾸는 전환점이 되고 있다. 감염병 정보의 표준화, 실시간 연계, 자동화된 분석 및 보고 체계는 방역 행정의 디지털 전환을 이끄는 대표적 사례이며, 향후 공공보건 영역의 다양한 정책 수립에도 직접적인 영향을 미칠 것으로 전망된다.

질병관리청은 2024년 방역통합정보시스템 및 감염병 빅데이터 플랫폼을 개통하여 안정적으로 운영하고 있다. 또한 방역통합정보시스템 구축 이후 감염병 대응 업무의 효율성 및 사회·경제적 효과 분석, 최신기술을 활용한 유사 시스템 사례 조사를 통한 발전방향 수립을 위한 연구용역도 수행 중이다. 이처럼 사용자 편의 향상뿐 아니라 방역통합정보시스템의 개선을 위하여 지속적으로 노력하고 있다. 더불어 기술적 안



그림 3. 감염병 빅데이터 플랫폼 구조도

ODS=operational data store.

정성 외에도 법과 제도를 정비하고 유관 기관 간 협력체계를 공고히 하고, 시스템 운영 및 관리를 위한 전문 인력을 양성하기 위해 계속 노력할 것이다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: Seongsun Kim is an editorial board member of the journal, but was not involved in the review process of this manuscript. Otherwise, there is no conflict of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: SSK, JHP. Investigation: JHP, SYH. Project administration: JHP. Resources: JHP, SYH. Supervision: SSK. Writing-original draft: JHP. Writing-review & editing: JHP, SYH.

References

1. Jajosky RA, Groseclose SL. Evaluation of reporting timeliness of public health surveillance systems for infectious diseases. *BMC Public Health* 2004;4:29.
2. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). About national electronic disease surveillance system base system (NBS) [Internet]. CDC; 2024 [cited 2025 Feb 7]. Available from: <https://www.cdc.gov/nbs/php/about/index.html>
3. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Surveillance of communicable diseases in the European Union - a long-term strategy: 2008-2013 [Internet]. ECDC; 2008 [cited 2025 Jul 15]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-communicable-diseases-european-union-long-term-strategy-2008-2013>
4. Koo S, Kim S, Hwang MJ, Park SY, Kim Y, Cho SY. Surveillance of wateborne and foodborne disease outbreaks in Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do, Republic of Korea, 2023-2024. *Public Health Wkly Rep* 2025;18:875-94.
5. Cho UJ, Kim AR, Park HR, An DH, Yang SG, Kim Y. Report on the epidemic investigation of the pertussis outbreak in Gyeongsangnam-do, 2023-2024. *Public Health Wkly Rep* 2024;17:1143-57.

Policy Note

Overview of Infectious Disease Information System and Big Data Platform

Jonghyeon Park , Seonyeong Ha , Seongsun Kim* 

Division of Epidemiological Data Analysis, Department of Data Science, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: To present the system capabilities of the restructured Infectious Disease Information System and Big Data Platform, aimed at improving the speed and efficiency of the response to infectious diseases.

Methods: Following the coronavirus disease 2019 pandemic, the limitations of existing systems were analyzed. In response, the core values and strategic directions for the new system were established, along with detailed implementation plans.

Results: The Infectious Disease Information System, built on unique identification data, enhanced data accuracy and usability by linking all phases of the infectious disease response to public information systems. Standardized reporting formats have unified analytical frameworks for various diseases. In addition, statistical production and customized analysis are supported through the Infectious Disease Big Data Platform and flexibility is secured by migrating to the National Information Resources Service to ensure stable processing of large-scale information.

Conclusions: By standardizing and integrating disease surveillance and control data, the proposed system enables timely and accurate responses to infectious diseases. It is expected to function as essential infrastructure for future pandemic preparedness and enhanced infectious disease management.

Key words: Infectious Disease Information System; Big Data Platform; Integration and linkage of information; Standardization of epidemiological investigations

*Corresponding author: Seongsun Kim, Tel: +82-43-719-7950, E-mail: sskim0719@korea.kr

Introduction

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has historically operated the Infectious Disease Management System (IDMS) for disease reporting and epidemiological investigations, and the Quarantine Information System (QIS) for quarantine inspections of international arrivals, vessels, and aircrafts. After the onset of the coronavirus

disease 2019 (COVID-19) pandemic in 2020, the agency developed the COVID-19 Information Management System (CIMS) to rapidly support evolving public health measures and manage the system load from a surge in confirmed cases. However, these systems operated in silos without interconnectivity, which resulted in duplicated functions, difficulty in information sharing, and reduced efficiency in disease control efforts.

Key messages

① What is known previously?

We operated the Infectious Disease Management System, the Quarantine Information System, and the COVID-19 Information Management System until 2023.

② What new information is presented?

The Infectious Disease Information System integrates the entire process of infectious disease response and links data across public institutions, thereby enhancing data accuracy and usability. It supports rapid adaptation through the standardization of epidemiological investigation forms and enables automated statistical outputs through the establishment of the Infectious Disease Big Data Platform.

③ What are implications?

By integrating the response process and ensuring data consistency, the Infectious Disease Information System can serve as a critical foundation for managing future pandemics. Furthermore, the Infectious Disease Big Data Platform will facilitate policy research and analytical studies related to infectious diseases.

To support swift and efficient disease control operations, the KDCA launched the “Project to Establish the Infectious Disease Information System and Big Data Platform” in November 2022, which integrated the IDMS, QIS, and CIMS and standardized key data from reports and epidemiological investigations. The Infectious Disease Information System was launched in January 2024, followed by the Infectious Disease Big Data Platform in June 2024. The KDCA continues to improve its infectious disease response by automatically generating incidence statistics and supporting customized analyses based on data from the integrated system.

Methods

1. Background

COVID-19 spread globally in a short period, establishing itself as one of the most severe public health crises in human history. In its initial response, the Republic of Korea (ROK) faced numerous limitations not only in its infectious disease management framework but also in its information system operations. The previous record for total reported cases of all legally mandated comprehensive surveillance diseases was approximately 160,000 annually (2018). In contrast, daily reports exceeded 620,000 at the peak of the COVID-19 pandemic, rendering the existing systems effectively inoperable. Furthermore, infectious disease data was fragmented across IDMS, QIS, and CIMS. This lack of integration led to repeated delays and errors in information sharing. In particular, critical information for disease response, including reporting, pathogen identification, epidemiological investigation, and patient management, was managed in a fragmented manner, frequently hindering effective decision-making in the field. This highlighted the urgent need for a new information framework to integrally manage data across the entire disease response life-cycle, enabling an effective response to public health crises and informing policy. In response, the KDCA initiated the development of the Infectious Disease Information System, redesigning major public health systems into a single, unified platform to standardize, rapidly process, and share infectious disease information.

2. Analysis of International Cases

In ROK, insufficient system integration was a key issue, disrupting the end-to-end data flow from disease occurrence to

response and impeding rapid, field-oriented action. Cases from the United States and Europe that addressed data fragmentation across systems were referenced during the development of the integrated system. The U.S. faced challenges in mounting a rapid, coordinated national response to outbreaks spanning multiple states owing to its structural model of managing infectious disease information at the state level. In response, the U.S. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) integrated multiple surveillance systems, including the National Notifiable Diseases Surveillance System, into the National Electronic Disease Surveillance System in the early 2000s. By linking with clinical information systems and automated laboratory reporting, the CDC established an integrated infrastructure that provided accurate, complete, and timely infectious disease data [1,2].

Similarly, since 2003, Europe has progressively integrated its national reporting frameworks, centrally collecting and managing infectious disease data through The European Surveillance System (TESSy), overseen by the European Centre for Disease Prevention and Control. TESSy was introduced to overcome non-standardization issues, such as disparate data collection formats and duplicate reporting among member states. By establishing a “one-stop surveillance system,” it has become the foundation for a joint response to cross-border disease threats [3].

The U.S. addressed state-level fragmentation, Europe tackled national heterogeneity, and ROK focused on resolving process disruptions. Despite these different core challenges, all reached the same instructive conclusion: an integrated system was necessary for data standardization, real-time sharing, and interoperability. ROK thus aimed to substantially strengthen its infectious disease response capabilities by building an

integrated information system to connect and manage the entire process from outbreak to response within a single platform.

Results

1. Status and Challenges of Previous System

Operations

Three main systems were previously in operation for infectious disease information management and COVID-19 response. First, the IDMS centralized infectious disease management functions to overcome limitations experienced during the 2015 Middle East Respiratory Syndrome outbreak, such as poor situational awareness between central and local governments and challenges in transparent information disclosure. It managed infectious disease reporting and situational awareness (patient surveillance), testing and diagnosis (pathogen surveillance), case investigations of confirmed patients (epidemiological investigation), and national isolation bed capacity. Second, the QIS was established to computerize health declarations from international arrivals, reports of suspected cases, and quarantine results for vessels and aircrafts. It supported the full range of quarantine officer duties, including human quarantine, vessel and aircraft inspection, pre-departure vaccinations and certificate issuance, and disinfection record management. Finally, the CIMS was developed specifically for an effective COVID-19 response. Launched in December 2020, it retained the basic framework of the IDMS but included added functionalities exclusively for managing COVID-19-related tasks. Its main functions included screening center operations (e.g., electronic health questionnaires), polymerase chain reaction test cost settlements, self-administered epidemiological surveys, and the issuance of electronic certificates, such as the “vaccine

pass,” by linking with vaccination data.

This siloed architecture hindered the systematic management of individual case histories: information from different stages was not integrated, and the lack of verification of the national identification number at the time of reporting led to difficulties in isolation and treatment management, reinfection and duplicate reporting, and an inability to check past infection records. Consequently, producing statistics and key indicators demanded excessive manpower and time, and the separate generation of statistics by various bodies—such as the Central Disease Control Headquarters, the Central Disaster and Safety Countermeasures Headquarters, and local governments—impeded timely data provision. Moreover, the legacy IDMS lacked uniformity and standardization in data entry. Adding new data fields without ensuring consistent data accumulation increased system complexity.

2. Core Values and Guiding Principles of the Integrated System

The Infectious Disease Information System was developed to address the limitations of previous systems, with three primary goals.

1) Operational efficiency

The system aimed to ensure data accuracy and integrity by linking the entire disease response process (quarantine, reporting, pathogen identification, and epidemiological investigation) based on unique personal identifiers and connecting with public information systems (e.g., Ministry of the Interior and Safety and National Health Insurance Service). It improved user convenience for data entry, minimized input errors, and established a new big data platform in a secure public cloud

environment. It also sought to improve public convenience through collaboration with private platforms such as Kakao and Naver.

2) Information usability

The goal was to improve information quality by systematically standardizing data from the point of collection and to produce de-identified data as a source for research. By making these data accessible, the system aims to leverage private-sector expertise and establish an evidence-based foundation for infectious disease response.

3) Information integrity and validity of collection

Mutual integrity was confirmed by analyzing relevant laws, guidelines, and existing systems, while authorization and information access frameworks were refined. The validity of data collection was also ensured through measures such as mandatory prior notification for epidemiological investigations and clearly defined scopes for information linkage and access.

3. Detailed Implementation Strategy

1) Integration and linkage of information across the entire response process

By breaking down informational silos, the system integrated previously fragmented platforms by linking data across all stages of the infectious disease response, from quarantine to reporting, pathogen identification, epidemiological investigation, and patient management. Furthermore, it enhanced the accuracy and reliability of collected data by strengthening linkage and verification with external public information systems. Specifically, for Korean nationals, patient reports are verified in real time against the Resident Registration System

of Korea, operated by the Ministry of the Interior and Safety, for name, national identification number, and address. For foreign nationals, name, nationality, date of birth, sex, and alien registration number are verified using the Ministry of Justice's Personal information for foreigners. This process ensures data accuracy at the reporting stage through real-time verification and enables the automatic assignment of cases to the appropriate public health center based on address. Information on symptomatic individuals and confirmed patients identified in quarantine is now reported to the integrated system, making it accessible to officials in local governments and the KDCA. The system was redesigned to automatically link this information to subsequent tasks such as pathogen testing and epidemiological investigations. This has enabled the management of a comprehensive infectious disease history for each patient (Figure 1).

2) Standardization of epidemiological investigations

Data collection for epidemiological investigations of Class 1–3 comprehensive surveillance diseases was restructured into 11 modular categories, designed so that components within each category can be managed separately. Thus, modifying a common item requires updating only a single module for the change to be automatically reflected across all disease-specific forms, enabling rapid revisions (Figure 2). Furthermore, data collection items were standardized: standard codes are used where available (e.g., Korean Standard Classification of Occupations, ISO 3166 for countries, KCD for underlying conditions), and for other items, uniform fields are used across all diseases. For instance, in previous investigation forms, “cefazolin” was recorded inconsistently with multiple spellings and abbreviations. This has now been standardized to “Cefazolin,” ensuring it is managed as a single data

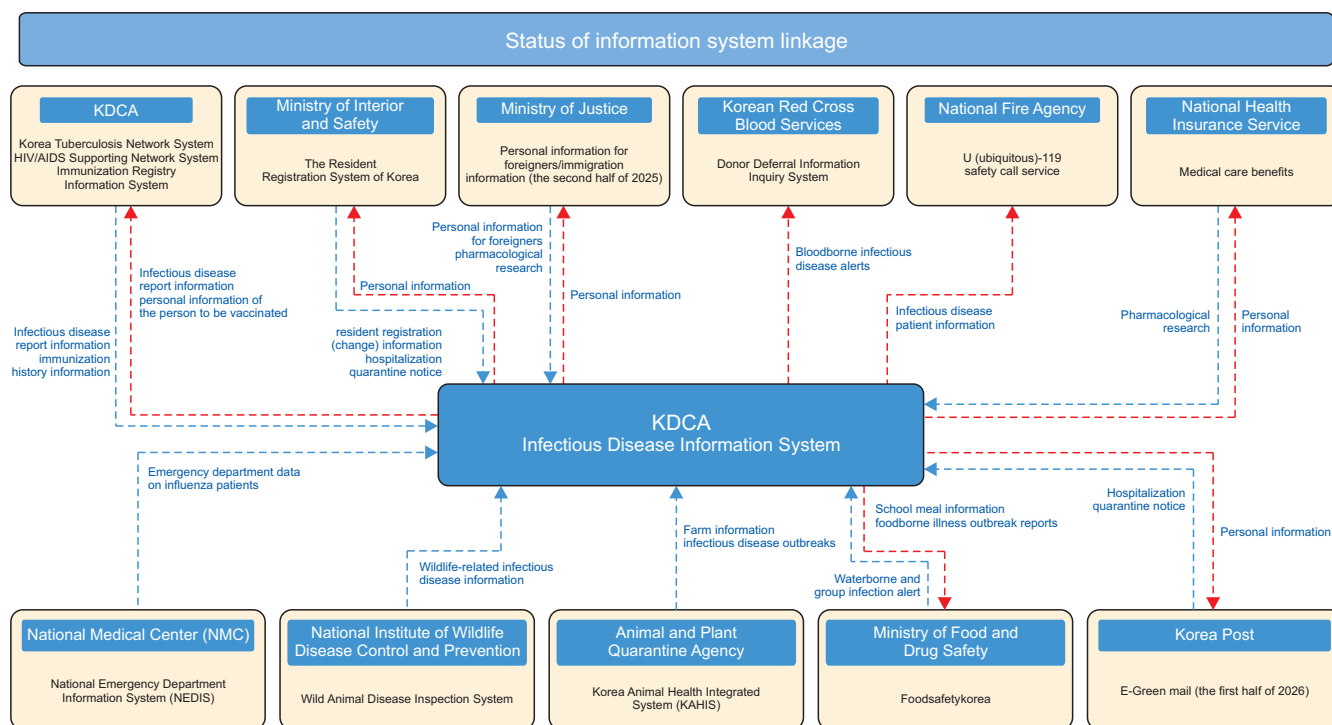


Figure 1. Status of the Infectious Disease Information System linkage

KDCA=Korea Disease Control and Prevention Agency; HIV=human immunodeficiency virus; AIDS=acquired immunodeficiency syndrome.

Level 1 (common characteristics)	Name, date of birth, sex, address, nationality, etc. case information					
Level 2 (characteristic type)	Vaccine-preventable diseases		Water- and food-borne infectious diseases		... ^{a)}	
	Vaccine history, symptoms, etc.		Symptoms, laboratory testing, dietary history, etc.		...	
Level 3 (characteristics specific)	Tetanus	Pertussis	Cholera	Vibrio vulnificus sepsis	...	...
	· Travel history	· Laboratory testing · Underlying disease · Administered drug · Contact tracing	· Travel history · Vaccine history	· Travel history · Clinical data	...	...

Figure 2. Strategy for implementing modular epidemiological data collection

^{a)}Modularization of epidemiological survey data collection considering Level 2 (type of infectious disease) • Level 3 (characteristics of individual infectious diseases).

item. The structure was reformed to allow the public health center managing the patient—based on actual residence or presumed infection area, not just the registered address—to conduct investigations, depending on transmission dynamics or field conditions. For cluster cases spanning multiple regions, a coordinating public health center can be designated to enable information sharing and joint investigation.

3) Establishment of the Infectious Disease Big Data Platform

While the regular generation of disease-specific statistics is necessary, significant time was previously consumed by repetitive tasks such as data cleaning and merging. Therefore, the Infectious Disease Big Data Platform was established to support policy research and analysis by automatically generating user-required statistics from the integrated system's data, supporting custom queries, and providing pseudonymized data to researchers on demand. The platform enables the extraction

of routine statistics, such as periodic disease incidence reports, through a dedicated menu. It also supports customized analyses, including data visualization based on diverse indicators such as epidemiological analysis, pathogen test results, testing methods, and healthcare utilization patterns. The platform also provides a flexible analytical environment by allowing users to incorporate their own datasets for analysis alongside the system's predefined data. These capabilities have enabled the use of collected data for direct policy support, as demonstrated by analyses of a pertussis outbreak [4] and the status of water-borne and foodborne disease outbreaks [5] by using information from the integrated system (Figure 3).

4) Enhanced response communication and infrastructure modernization

Public communication channels and certificate services were established, such as issuing certificates of hospitalization/isolation via the Government 24 portal and delivering

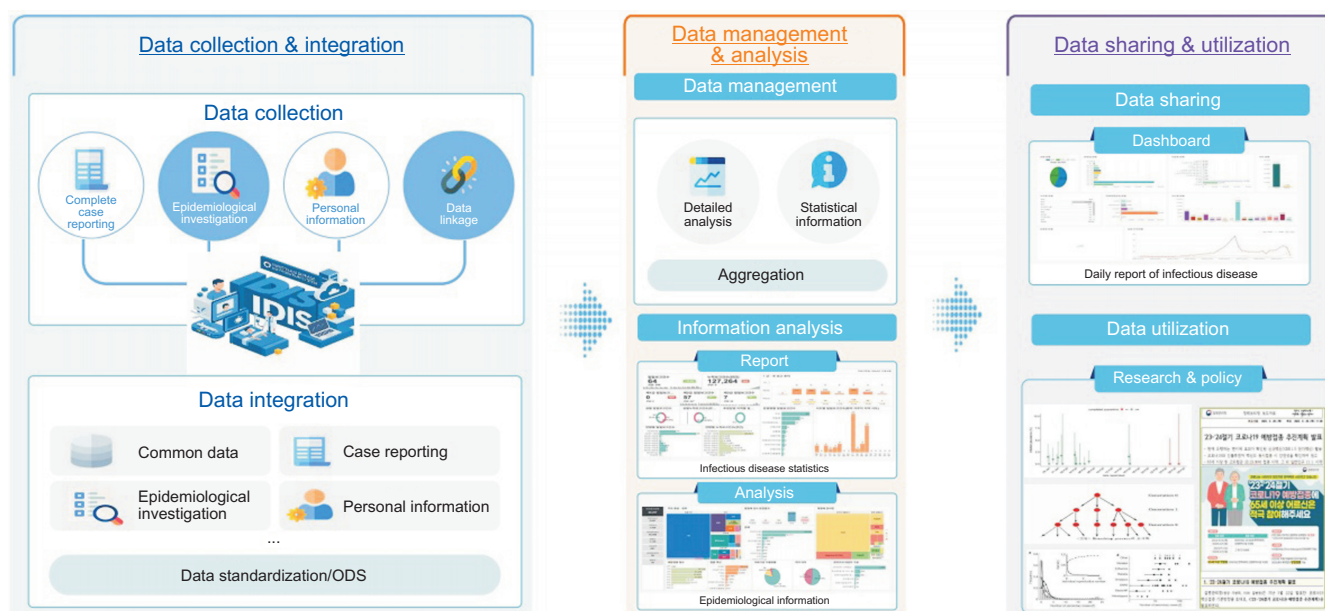


Figure 3. Infectious Disease Big Data Platform architecture
ODS=operational data store.

hospitalization/isolation notices to mobile apps through the National Secretary Service. Furthermore, to ensure stable processing of large-scale data, the system was built on a cloud-based infrastructure within the National Information Resources Service of the Ministry of the Interior and Safety, securing operational flexibility for future pandemics.

Conclusion

The Infectious Disease Information System overcame the limitations of legacy systems by unifying previously fragmented platforms and creating a flexible, scalable architecture capable of handling large-scale outbreaks. It also resolved institutional issues by realigning functions inconsistent with laws and guidelines, establishing an individual-level information management framework, automating statistical production, centralizing data flow into the KDCA-led system, and standardizing data collection structures.

Although prompted by the COVID-19 crisis, the integrated system transcends its role as a short-term response tool, marking a paradigm shift in long-term infectious disease management. Its standardized data, real-time integration, and automated analysis and reporting systems are prime examples of the digital transformation of public health administration and are expected to directly influence the formulation of various public health policies.

The KDCA launched the Infectious Disease Information System and the Infectious Disease Big Data Platform in 2024 and is currently operating them stably. Furthermore, post-implementation research is underway to analyze the system's impact on disease response efficiency and its socioeconomic effects, and to formulate future development strategies by studying similar systems that utilize the latest technologies. Continuous efforts are being made to improve the integrated system itself, in addition to enhancing user convenience. Beyond ensuring technical stability, the KDCA will continue

to refine laws and institutions, solidify inter-agency cooperation, and cultivate professional talent for system operation and management.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

Conflict of Interest: Seongsun Kim is an editorial board member of the journal, but was not involved in the review process of this manuscript. Otherwise, there is no conflict of interest to declare.

Author Contributions: Conceptualization: SSK, JHP. Investigation: JHP, SYH. Project administration: JHP. Resources: JHP, SYH. Supervision: SSK. Writing—original draft: JHP. Writing—review & editing: JHP, SYH.

References

1. Jajosky RA, Groseclose SL. Evaluation of reporting timeliness of public health surveillance systems for infectious diseases. *BMC Public Health* 2004;4:29.
2. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). About national electronic disease surveillance system base system (NBS) [Internet]. CDC; 2024 [cited 2025 Feb 7]. Available from: <https://www.cdc.gov/nbs/php/about/index.html>
3. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Surveillance of communicable diseases in the European Union – a long-term strategy: 2008–2013 [Internet]. ECDC; 2008 [cited 2025 Jul 15]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-communicable-diseases-european-union-long-term-strategy-2008-2013>
4. Koo S, Kim S, Hwang MJ, Park SY, Kim Y, Cho SY. Surveillance of waterborne and foodborne disease outbreaks in Daegu Metropolitan City and Gyeongsangbuk-do, Republic of Korea, 2023–2024. *Public Health Wkly Rep* 2025;18:875–94.
5. Cho UJ, Kim AR, Park HR, An DH, Yang SG, Kim Y. Report on the epidemic investigation of the pertussis outbreak in Gyeongsangnam-do, 2023–2024. *Public Health Wkly Rep* 2024;17:1143–57.

국내 병원체 감시 결과를 통한 2024-2025 절기 인플루엔자 바이러스 유행 특성 분석

이남주 , 이지은 , 이상희 , 이재희 , 김은진*

질병관리청 진단분석국 신종병원체분석과

초 록

목적: 2024-2025 절기 국내 인플루엔자 바이러스의 유행 특성을 분석하여, 최근 절기에서의 검출 동향 및 아형 분포 변화 양상을 파악하고자 하였다.

방법: 질병관리청이 수행하는 국가호흡기바이러스 표본감시 자료를 바탕으로, 2024-2025 절기 17주까지(2024년 36주-2025년 17주) 보고된 인플루엔자의 주별 검출률, 아형별 비율, 연령군별 검출 현황을 분석하였다.

결과: 2024-2025 절기 인플루엔자의 검출은 두 차례의 유행으로 인한 두 번의 정점으로 나눌 수 있다. 첫 번째 유행은 2024년 말에 시작되어 2025년 1주에 정점을 보였으며 이 시점의 검출률은 62.9%로 이전 절기 대비 20-30% 높았으며, 특히 50세 이상의 연령층에서 검출률이 증가하였으며, 주로 A형 바이러스가 유행하였다. 이후 2025년 3월의 두 번째 유행은 B형 바이러스의 검출이 증가하면서 전체 검출 중 50% 이상을 차지하였다. 이러한 B형 유행은 주로 7-18세 학령기 연령군에서 높은 검출률을 보이며 유행 지속 기간도 예년보다 연장되는 경향을 보였다.

결론: 2024-2025 절기 인플루엔자 유행은 이전 절기보다 높은 수준의 병원체 검출, B형 바이러스의 장기적 유행과 고령층에서의 감염 증가가 특징적으로 관찰되었다. 이처럼 호흡기병원체의 유행 특징을 고려한 효과적인 방역정책 수립과 적용을 위해 질병관리청은 호흡기 병원체에 대한 면밀한 감시로 지역사회 유행의 조기 파악과 신속한 대응을 지속할 예정이다.

주요 검색어: 인플루엔자 바이러스; 국가 감시; 인플루엔자 아형; 계절성

서 론

인플루엔자 바이러스로 인한 독감은 대표적인 계절성 호흡기감염병으로, 주로 겨울철에 정점을 이루며 지역사회에 광범위하게 유행한다. 이러한 계절적 유행 특성으로 인해 인플

루엔자 병원체 감시를 통한 유행 시기, 검출현황 및 주로 유행하는 아형 등과 같은 감시 결과는 인플루엔자 백신 접종 전략, 감염병 유행 관리를 위한 대국민 홍보활동, 의료현장에서 환자관리 등 효과적인 감염병 관리 정책 적용의 과학적 근거로 주요하게 활용되고 있다.

Received May 16, 2025 Revised July 9, 2025 Accepted July 16, 2025

*Corresponding author: 김은진, Tel: +82-43-719-8140, E-mail: ekim@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) which permits unrestricted 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?

인플루엔자 바이러스는 주로 겨울철에 유행하며, 7-18세의 학령기 연령층에서 검출률이 높은 경향이 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2024-2025 절기에는 50세 이상의 연령층에서의 검출률이 증가하고, B형 바이러스의 유행이 장기적으로 이어졌다.

③ 시사점은?

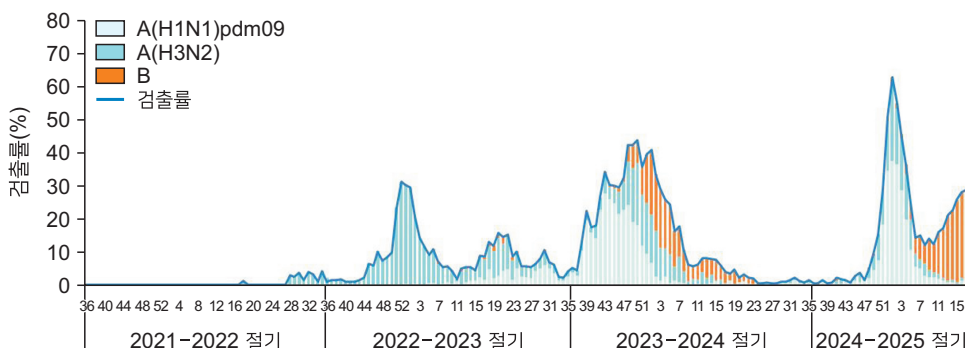
인플루엔자의 발생 패턴이 변화하고 있어, 향후 방역 전략을 수립하기 위해 감시를 강화할 필요가 있다.

이에 본 보고서는 병원체 감시를 통해 살펴본 2024-2025 절기 인플루엔자 바이러스의 국내 유행 특성을 공유하고자 한다.

본 론

질병관리청에서 수행 중인 병원체 표본감시 결과, 최근 몇 년간 인플루엔자 및 기타 호흡기바이러스의 국내 유행 양상이 기존의 계절성에서 벗어나 절기별로 다른 유행을 보이고 있다 [1-3]. 2022년 이후, 인플루엔자 바이러스는 통상적인 겨울철 유행 패턴을 벗어나 여름철까지 지속되는 양상을 보였고, 해를 거듭할수록 높은 수준의 정점을 보이는 것으로 확인되었다. 이러한 변화의 원인으로는 코로나바이러스감염증-19(코

로나19) 팬데믹의 영향을 고려해 볼 수 있다. 2020년 초 시작된 팬데믹은 사회적 거리두기, 모임 제한 등 고강도의 비약물적(non-pharmaceutical interventions) 정책 적용으로 인해 중증 급성 호흡기 증후군 코로나바이러스 2의 전파를 효과적으로 억제하였고, 동시에 인플루엔자를 포함한 다양한 호흡기바이러스의 검출도 과거 대비 유례없는 수준으로 감소시켰다. 실제로 국내에서는 2022년 7월까지 인플루엔자 검출이 거의 이루어지지 않았으며, 이후 2022년 8월부터 재검출되며 2022-2023 절기부터 유행이 다시 시작되었다. 2022-2023 절기에는 A(H3N2) 아형이 주로 유행하였는데, 이는 코로나19 이후 인플루엔자의 본격적인 첫 유행이었다. 이어진 2023-2024 절기에는 절기 개시부터 이전 절기에 비해 다소 높은 수준의 검출이 관찰되었으며, 초기 A(H1N1)pdm09이 주도적으로 유행하다 정점 시기(48-50주차)에 근접하면서 B형 바이러스 검출이 점차 증가하여 A형과 B형이 혼재하여 유행하는 양상이 관찰되었다. 2024-2025 절기는 본격적인 검출 증가 시점이 이전 절기보다 다소 늦어지면서 정점 시기가 2025년 1주차였으며 이후 검출률이 급증하며 이전 절기 검출 정점 대비 20-30% 높은 수준을 나타내었다(그림 1). 또한, 겨울방학 이후 개학과 함께 학령기 연령층을 중심으로 2차 유행이 관찰되었으며, 절기 초반 유행하던 A(H1N1)pdm09이 아닌 B형 바이러스의 검출 증가가 확인되었다. 2023-2024 절기 동 시기에 모든 아형의 검출이 감소하며 전체적으로 비슷한 비율로 검출되던 양상과는 다르게 2024-2025 절기에는 B형의 검출이 주로 증가하면서 완만한 형태로 6주 이상 증가가



지속되었고 2차 유행을 주도하며 이전 절기의 동 기간 대비 높은 수준으로 검출이 유지되고 있다. 이는 팬데믹 이후 인플루엔자의 계절적 패턴이 점차 회복되는 동시에, 과거와는 다른 유행 지속성과 변동성을 동반하고 있음을 시사한다. 또한 연령별 검출 양상에서도 특이점이 확인되었다. 2022-2023 절기와 2023-2024 절기에는 학령기 연령층(7-18세)에서 가장 높은 검출률이 관찰되었으며, 이는 학교 중심의 유행이 주요한 영향을 미친 것으로 해석된다. 그러나 2024-2025 절기에는 학령기가 아닌 다른 연령층에서의 유행이 확인되었다. 1차 유행 시기인 2024년 50주-2025년 6주 사이에는 50대 이상 장년층 및 65세 이상 고령층에서의 검출률이 상대적으로 증가하여 학령기 연령층과 유사한 수준으로 나타났으며, 이 시기의 고령층 검출률은 전년 동기간 대비 약 20% 증가하였다. 그리고 B형 유행이 본격화된 2차 유행 시기에는 다시 학령기 연령층에서 유행을 주도한 것으로 확인되었다(그림 2). 이러한 장년층 이상에서의 유행은 팬데믹 동안 인플루엔자에 대한 자연면역 획득 기회가 줄어들면서 형성된 면역공백(immune gap)의 영향이 확대된 것으로 추정되며, 이는 백신으로 인해 생성된 면역원성도 자연노출 경험이 적어지게 되면 면역 방어능이 저하될 수 있으며, 이에 따라 감염 취약성이 높아진다는 보고와 유사한 경우로 볼 수 있다[4,5]. 이러한 유행 양상은 일부 국외 국가에서도 보고되었는데, 2023-2024 절기 일본, 미국, 호주에서는 팬데믹 이전과 다른 인플루엔자 유행 양상이 관찰되었다. 일본에서는 A(H1N1)pdm09 유행 후

2024년 1월부터 B형 비율이 급증해 3월에는 60%를 초과하였고, 고령층에서 B형 검출률이 1.5배 증가하였다[6]. 미국에서는 A형과 B형이 동시 유행하며, B형이 3-5월까지 지속되었고, 고령층과 학령기 아동에서 감염 증가가 두드러졌다[7]. 호주에서도 4월 이후 B형이 급증하여 전체 인플루엔자의 35%를 차지했으며, 청소년과 고령층에서 높은 검출률을 보였다[8]. 세 국가 모두에서 B형이 절기 후반 유행을 주도했고, 고령층에서의 검출 증가가 공통적으로 나타났다. 이는 팬데믹 이후 변화한 면역지형과 관련이 있는 것으로 보고하였다[9].

결론

2024-2025 절기 국내 인플루엔자 발생 양상은 본문에서 언급했듯이 국외 상황과 마찬가지로 유행 시기의 지연, 아형 분포의 변화, 연령별 감염 양상의 차이 등 다면적인 변화를 보여주고 있다. 특히 B형 바이러스의 지속 유행과 고령층의 감염 증가 현상은 이번 절기에서 달라진 유행 양상으로, 이는 앞으로의 유행 예측과 대응은 과거의 계절성 패턴에 의존하기보다는 면밀한 감시를 통한 변화되는 유행 양상에 맞춘 효과적인 전략 마련의 필요성을 강조하며 방역 정책 수립에 있어 병원체 감시가 더욱 중요해졌음을 시사한다. 이에 질병관리청에서는 병원체는 물론 임상감시를 통한 병원체와 환자 유행 상황을 주시하고 필요 시 호흡기감염병 관계부처 합동 대책반을 운영함으로써 인플루엔자 및 기타 호흡기감염병에 대한 공

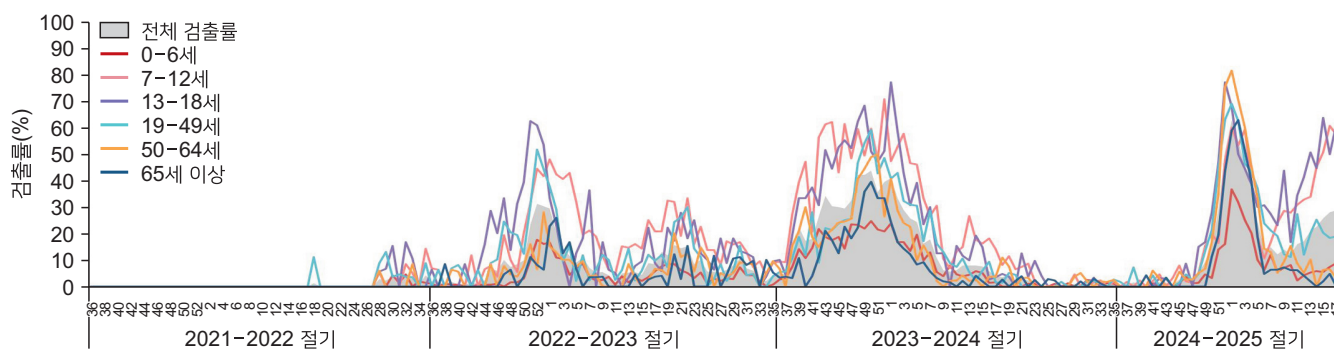


그림 2. 2021-2022년 절기-2024-2025년 절기 17주 연령별 인플루엔자 검출 현황

동 대응체계를 강화하고 있다. 또한 예방접종 측면에서도 국가 예방접종사업을 통한 고위험군 무료접종을 지속하고 접종률 제고를 위한 홍보도 추진하고 있다. 앞으로도 질병관리청은 연중 다양하게 발생하는 인플루엔자를 포함한 호흡기병원체에 대한 면밀한 감시로 지역사회 발생 양상을 파악하고 신속한 대응을 위한 관계부처 간 협력을 지속할 예정이다.

Declarations

Ethics Statement: Ethics approval for the study protocol and analysis of the data was obtained from the Institutional Review Board of the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA; 2022-02-05-C-A).

Funding Source: This study was supported by intramural funds (grant No. 6300-6332-304) from the KDCA.

Acknowledgments: We would like to thank 18 Public Health and Environment Research Institutes (PHERIs).

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

Author Contributions: Conceptualization: NJL. Data curation: NJL. Formal analysis: SHW, JHL. Investigation: NJL, SHW, JHL, JER, EJK. Methodology: NJL. Project administration: NJL. Resources: NJL, SHW, JHL, JER, EJK. Software: NJL. Supervision: JER, EJK. Visualization: SHW, NJL, JHL. Writing—original draft: NJL. Writing—review & editing: JER, EJK.

References

1. Kim I, Kang S, Cha J, et al. Changes in patterns of respiratory virus since the coronavirus disease 2019 pandemic (until April 2023). *Public Health Wkly Rep* 2023;16:621-31.
2. Lee NJ, Woo S, Rhee JE, Lee J, Lee S, Kim EJ. Increased trend of adenovirus activity after the COVID-19 pandemic in South Korea: analysis of national surveillance data. *Ann Lab Med* 2024;44:581-5.
3. Kim HM, Rhee JE, Lee NJ, et al. Recent increase in the detection of human parainfluenza virus during the coronavirus disease-2019 pandemic in the Republic of Korea. *Virol J* 2022;19:215.
4. Cadar AN, Martin DE, Bartley JM. Targeting the hallmarks of aging to improve influenza vaccine responses in older adults. *Immun Ageing* 2023;20:23.
5. Simonsen L, Taylor RJ, Viboud C, Miller MA, Jackson LA. Mortality benefits of influenza vaccination in elderly people: an ongoing controversy. *Lancet Infect Dis* 2007;7:658-66.
6. IASR graphs virus 2023/24 [Internet]. Japan Institute for Health Security; 2011 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/en/graph/iasr-gv4/2023/index.html>
7. Influenza activity in the United States during the 2022–2023 season and composition of the 2023–2024 influenza vaccine [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2023 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://www.cdc.gov/flu/whats-new/22-23-summary-technical-report.html>
8. Australian Influenza Surveillance Reports – 2023 [Internet]. Australian Government Department of Health, Disability and Ageing; 2023 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://www.health.gov.au/resources/collections/australian-influenza-surveillance-reports-2023>
9. Eales O, Plank MJ, Cowling BJ, et al. Key challenges for respiratory virus surveillance while transitioning out of acute phase of COVID-19 pandemic. *Emerg Infect Dis* 2024;30:e230768.

Public Health Issue

Seasonal Influenza Virus Activity during the 2024–2025 Season: Based on the Republic of Korea's National Pathogen Surveillance Data

Nam-Joo Lee , Jee Eun Rhee , SangHee Woo , Jaehee Lee , Eun-Jin Kim* 

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

ABSTRACT

Objectives: This study aimed to analyze the epidemiological characteristics of influenza virus circulation during the 2024–2025 season in the Republic of Korea (ROK), with a focus on recent trends in detection rates and subtype distribution.

Methods: Weekly detection rates, subtype distribution, and age-specific patterns of influenza virus were analyzed using surveillance data from week 36 of 2024 to week 17 of 2025 as reported by the Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System.

Results: ROK's 2024–2025 influenza season exhibited two distinct epidemic waves. The first wave began in late 2024 and peaked in week 1 of 2025, with a detection rate of 62.9%, representing a 20–30% increase compared to previous seasons. During this period, a notable increase in detection was observed among individuals over age 50, with influenza A viruses predominating. The second wave emerged in March 2025 and was driven by an increase in influenza B virus detection, which accounted for more than 50% of all influenza cases. The circulation of B virus was particularly prominent among school-aged children (7–18 years) and lasted longer than previous seasons.

Conclusions: The 2024–2025 influenza season was characterized by increased detection levels compared with prior seasons, prolonged circulation of influenza B viruses, and a marked rise in infections among older adults. These findings suggest an ongoing shift in population immunity following the coronavirus disease 2019 pandemic. To respond effectively to the evolving patterns of respiratory virus circulation, the Korea Disease Control and Prevention Agency will continue to strengthen its timely detection and response efforts through enhanced surveillance systems.

Key words: Influenza virus; National surveillance; Influenza subtype; Seasonality

*Corresponding author: Eun-Jin Kim, Tel: +82-43-719-8140, E-mail: ekim@korea.kr

Introduction

Influenza is a major seasonal respiratory illness caused by the influenza virus, typically peaking in incidence during the winter and spreading widely within communities. Owing to

these seasonal characteristics, surveillance findings on the influenza virus, such as epidemic timing, detection status, and predominant subtypes, provide the scientific basis for effective policies for infectious disease control, which includes vaccination strategies, public awareness campaigns for epidemic

Key messages

① What is known previously?

Influenza outbreaks primarily occur during the winter months, with the highest detection rates observed in school-aged (7–18-year-old) children.

② What new information is presented?

The 2024–2025 season was marked by an increase in influenza detection rates among people aged 50 and over, and the circulation of B-type influenza viruses persisted for an extended period.

③ What are implications?

The evolving patterns of influenza outbreaks indicate the need for enhanced surveillance to inform future public health strategies.

management, and patient care in clinical settings. Accordingly, this report aims to share the domestic epidemic characteristics of the influenza virus during the 2024–2025 season, as observed through pathogen surveillance.

Main Text

According to the results of sentinel pathogen surveillance conducted by the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA), the domestic epidemic patterns of influenza and other respiratory viruses in recent years have deviated from their typical seasonality, showing different trends each season [1–3]. Since 2022, the influenza virus has deviated from its usual winter epidemic pattern, with circulation continuing into the summer months, and has been observed to reach progressively higher peaks with each passing year. The coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic can be considered

a reason for this shift. The pandemic, which began in early 2020, led to the implementation of high-intensity non-pharmaceutical interventions such as social distancing and restrictions on gatherings. These measures effectively suppressed the transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 and simultaneously resulted in a reduction in the detection of various respiratory viruses, including the influenza virus, to unprecedentedly low levels compared to those in the past. In fact, influenza was scarcely detected in the Republic of Korea until July 2022. It began to be redetected in August 2022, with epidemics resuming from the 2022–2023 season. In the 2022–2023 season, the A(H3N2) subtype was predominant, marking the first full-scale influenza epidemic since the start of the COVID-19 pandemic. In the 2023–2024 season, a relatively high level of detection was observed from the beginning of the season compared with the previous one. A(H1N1)pdm09 was the dominant strain initially; however, as the peak period (weeks 48–50) approached, the detection of influenza B virus gradually increased, leading to a co-circulation of A and B types. In the 2024–2025 season, the onset of a significant increase in detections was somewhat delayed compared to that in the previous season, with the peak occurring in the first week of 2025. Thereafter, the detection rate surged, reaching a level 20–30% higher than the peak of the previous season (Figure 1). Furthermore, a second wave was observed centered around the school-aged population following the start of the new school semester after the winter break, and an increase in influenza B virus detection was confirmed, rather than that of A(H1N1)pdm09, which had been prevalent early in the season. Unlike the same period in the 2023–2024 season, when detections of all subtypes decreased and were found in similar proportions, the 2024–2025 season was characterized by a

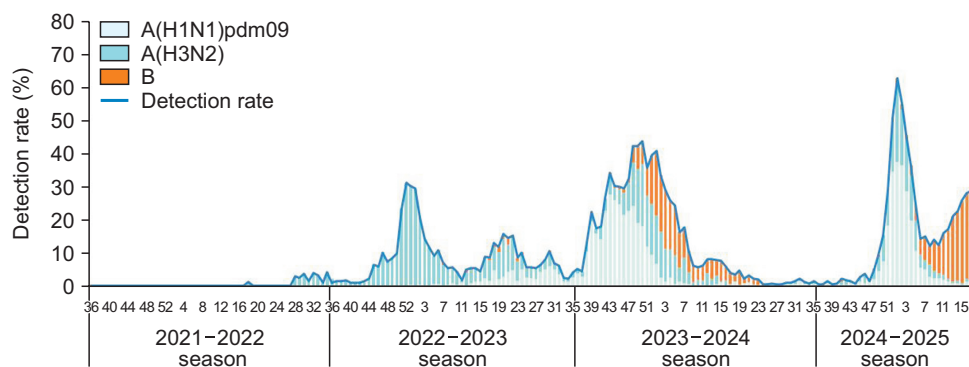


Figure 1. Influenza detection rate during 2021-2022-2024-2025 week 17 for review

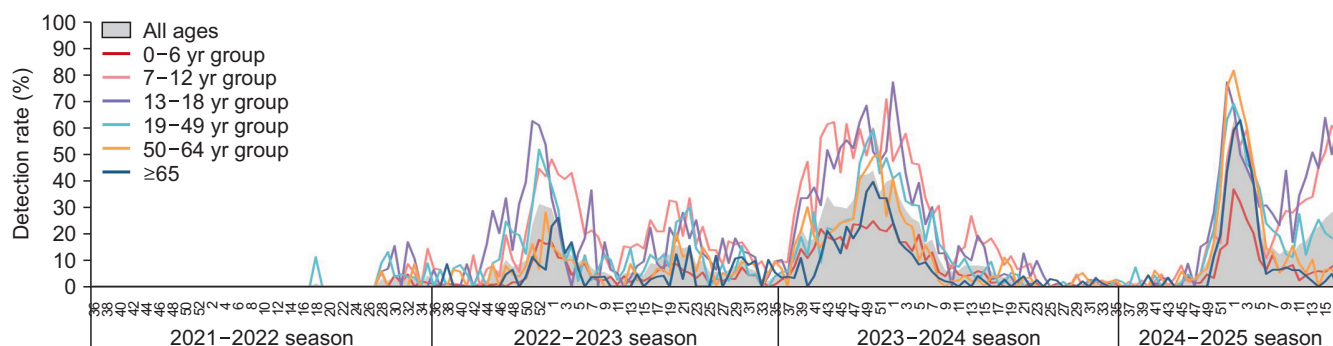


Figure 2. Distribution of influenza detection rate by age group, 2021-2022-2024-2025 week 17

predominant increase in influenza B. This increase continued for more than 6 weeks in a gradual manner, driving the second wave and maintaining a high level of detection compared to the same period of the previous season. This suggests that while the seasonal pattern of influenza is gradually returning after the pandemic, it is accompanied by persistence and variability different from those in the past. In addition, unique characteristics were identified in the age-specific detection patterns. In the 2022-2023 and 2023-2024 seasons, the highest detection rates were observed in the school-aged population (7-18 years), suggesting this was primarily influenced by school-centered transmission. However, in the 2024-2025 season, epidemics were identified in age groups other than the school-aged population. During the first wave, between week 50 of 2024 and week 6 of 2025, the detection rate among adults in their 50s and the elderly aged 65 years and above increased

relatively, reaching a level similar to that in the school-aged population. The detection rate in the elderly during this period increased by approximately 20% compared to that in the same period in the previous year. During the second wave, when the influenza B epidemic gained momentum, the school-aged population was once again emerged as the primary driver of the epidemic (Figure 2). This epidemic among older adults is presumed to be an expanded effect of the immunity gap formed by reduced opportunities for acquiring natural immunity during the pandemic. This finding is consistent with reports suggesting that vaccine-induced immunogenicity can also result in diminished immune defense if natural exposure is limited, thereby increasing susceptibility to infection [4,5]. Such epidemic patterns have also been reported in some other countries. In the 2023-2024 season, Japan, the United States, and Australia observed influenza epidemic patterns that differed

from those seen before the pandemic. In Japan, following an A(H1N1)pdm09 epidemic, the proportion of influenza B cases surged from January 2024, exceeding 60% in March, and the detection rate of influenza B among the elderly increased 1.5-fold [6]. In the United States, types A and B co-circulated, with influenza B persisting until March–May, and a notable increase in infections was observed among the elderly and school-aged children [7]. In Australia, influenza B also surged after April, accounting for 35% of all influenza cases, with high detection rates in adolescents and the elderly [8]. In all three countries, influenza B drove the latter part of the season's epidemic, and an increase in detections among the elderly was a common feature. This trend has been attributed to an altered immune landscape resulting from the pandemic [9].

Conclusion

As discussed in the main body, the domestic influenza pattern during the 2024–2025 season has shown multifaceted changes, similar to the international situation, including delays in epidemic timing, shifts in subtype distribution, and differences in age-specific infection patterns. In particular, the sustained circulation of influenza B virus and the increase in infections among the elderly are the altered epidemic patterns for this season. This underscores the need for future epidemic forecasting and response to be based on effective strategies tailored to evolving trends through close surveillance, rather than relying on past seasonal patterns. Furthermore, it suggests that pathogen surveillance has become even more critical in formulating public health policies. In response, the KDCA is closely monitoring pathogen and patient epidemic situations through both pathogen and clinical surveillance and is strengthening

the joint response system for influenza and other respiratory infectious diseases by operating an inter-agency task force for respiratory diseases when necessary. From a preventive perspective, the KDCA continues to provide free influenza vaccinations to high-risk populations as part of the National Immunization Program and is actively promoting vaccination campaigns to improve uptake. Going forward, the KDCA will continue to identify community transmission patterns through close surveillance of respiratory pathogens, including influenza, which circulate throughout the year and will maintain inter-agency cooperation for a swift response.

Declarations

Ethics Statement: Ethics approval for the study protocol and analysis of the data was obtained from the Institutional Review Board of the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA; 2022-02-05-C-A).

Funding Source: This study was supported by intramural funds (grant No. 6300-6332-304) from the KDCA.

Acknowledgments: We would like to thank 18 Public Health and Environment Research Institutes (PHERIs).

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

Author Contributions: Conceptualization: NJL. Data curation: NJL. Formal analysis: SHW, JHL. Investigation: NJL, SHW, JHL, JER, EJK. Methodology: NJL. Project administration: NJL. Resources: NJL, SHW, JHL, JER, EJK. Software: NJL. Supervision: JER, EJK. Visualization: SHW, NJL, JHL. Writing—original draft: NJL. Writing—review & editing: JER, EJK.

References

1. Kim I, Kang S, Cha J, et al. Changes in patterns of respiratory virus since the coronavirus disease 2019 pandemic (until April 2023). *Public Health Wkly Rep* 2023;16:621-31.
2. Lee NJ, Woo S, Rhee JE, Lee J, Lee S, Kim EJ. Increased trend of adenovirus activity after the COVID-19 pandemic in South Korea: analysis of national surveillance data. *Ann Lab Med* 2024;44:581-5.
3. Kim HM, Rhee JE, Lee NJ, et al. Recent increase in the detection of human parainfluenza virus during the coronavirus disease-2019 pandemic in the Republic of Korea. *Virol J* 2022;19:215.
4. Cadar AN, Martin DE, Bartley JM. Targeting the hallmarks of aging to improve influenza vaccine responses in older adults. *Immun Ageing* 2023;20:23.
5. Simonsen L, Taylor RJ, Viboud C, Miller MA, Jackson LA. Mortality benefits of influenza vaccination in elderly people: an ongoing controversy. *Lancet Infect Dis* 2007;7:658-66.
6. IASR graphs virus 2023/24 [Internet]. Japan Institute for Health Security; 2011 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/en/graph/iasrgv4/2023/index.html>
7. Influenza activity in the United States during the 2022-2023 season and composition of the 2023-2024 influenza vaccine [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention; 2023 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://www.cdc.gov/flu/whats-new/22-23-summary-technical-report.html>
8. Australian Influenza Surveillance Reports – 2023 [Internet]. Australian Government Department of Health, Disability and Ageing; 2023 [cited 2025 May 3]. Available from: <https://www.health.gov.au/resources/collections/australian-influenza-surveillance-reports-2023>
9. Eales O, Plank MJ, Cowling BJ, et al. Key challenges for respiratory virus surveillance while transitioning out of acute phase of COVID-19 pandemic. *Emerg Infect Dis* 2024;30:e230768.