

2022년 1월 국내 코로나19 변이 바이러스 발생 현황 및 특성

중앙방역대책본부 진단분석단 검사분석팀 김일환, 박애경, 이혁진, 김희만, 김준영, 김정아, 노진선, 이채영, 이지은, 김은진*

*교신저자 : ekim@korea.kr, 043-719-8140

초 록

2019년 12월 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19)가 전 세계적으로 확산되며 알파, 베타, 감마, 델타, 오미크론 등 변이 바이러스가 지속적으로 출현하고 있다. 인도에서 유래한 델타 변이 바이러스가 4월부터 각 국가 간 급속하게 전파되며 우세종이 된 이후, 12월부터 감소하였고, 11월에 남아공에서 보고된 오미크론이 현재 우세종이 되어 전 세계에서 유행하고 있다.

질병관리청은 코로나19 바이러스의 감염원 추적·분석 및 유전자 변이 확인을 위해 유전자 감시(genomic surveillance)를 수행하고 있다. 국내감염 및 해외유입 관련 확진자의 양성검체를 대상으로 유전체분석 및 변이 PCR 분석 등을 실시한 결과, 2020년 1월부터 2022년 2월 5일까지 총 118,450건의 주요 변이 바이러스(델타 92,271건, 오미크론 22,703건, 알파 3,296건, 베타 153건, 감마 27건)를 확인하였다. 해외유입 사례의 경우 2021년 4월 델타가 국내에서 처음 확인된 후 5월 39.3%, 6월 76.2%의 검출률을 보이며 델타가 대부분 확인되었으나, 12월 오미크론 검출률이 52.8%를 보이며 추세가 바뀌었고, 2022년 1월 오미크론의 검출률은 96.4%를 나타내었다. 국내감염 사례의 경우, 델타 변이가 2021년 7월 59.6%의 검출률을 나타내어 우세종이 되었으나, 2022년 1월 오미크론 검출률이 63.9%를 나타내어 국내 우세종이 오미크론으로 바뀌었다. 전장유전체분석을 통한 변이 바이러스 세부계통 분석 결과, 1월 국내감염 사례에서 확인되는 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 53.2%, BA.1 7.1%, BA.2 1.4%로 확인되었다.

질병관리청은 변이 바이러스를 신속하게 검출하고 분석함으로써 코로나19 확산 방지를 위한 근거자료를 제공하고 있고, 신규 변이 바이러스 출현에 대응하기 위해 지속적인 감시를 수행하고 있다.

주요 검색어 : 코로나바이러스감염증-19(코로나19), 유전자 감시(SARS-CoV-2), 전장유전체 분석, 변이 바이러스

들어가는 말

2019년 12월 중국 후베이성 우한시에서 처음 발생한 코로나바이러스감염증-19(코로나19)가 세계적으로 대유행하며, 원인 병원체인 코로나19 바이러스(Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, SARS-CoV-2)의 변이 바이러스가 지속적으로 출현하고 있다. 바이러스 유전자 변화에서 비롯되는 변이는 바이러스 특성에 거의 영향을 미치지 않으나, 일부 변이는 전파력, 병원성, 백신 및 치료제 효과 등에 영향을 미치기도 한다.

2020년 9월 20일 영국에서 알파 변이 바이러스 감염이 보고된 후[1], 남아프리카공화국 유래의 베타형, 브라질 유래의 감마형 등 세계적으로 다양한 변이 바이러스가 발생하며 전파가 확대되었고, 2021년 4월부터는 인도 유래의 델타 변이 바이러스가 전 세계적으로 확산되며 전 세계적인 우세종이 되었다. 그 후 2021년 11월 24일 남아프리카공화국에서 세계보건기구(World Health Organization, WHO)에 처음 보고한 오미크론 변이 바이러스가 11월 26일 WHO 바이러스진화 기술자문그룹(Technical Advisory Group on Virus Evolution, TAG-VE)의 긴급회의를 통해 주요 변이 바이러스(Variants of Concern, VOC)로 분류되었고[2,3], 오미크론은 빠른 속도로

전파되며 델타를 대신하여 전 세계의 우세종이 되었다.

질병관리청은 국내외에서 확산되고 있는 변이 바이러스를 감시하고 대응하기 위해 WHO의 변이 바이러스 분류 체계를 반영하여 변이 바이러스를 적극적으로 모니터링하고 있다. WHO는 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(Variant of Interest, VOI)로 변이 바이러스를 분류(2021. 2. 25.)하였고[4], 지역유행 명칭의 사용 방지 및 원활한 소통을 위해 그리스 알파벳(알파, 베타, 감마 등)으로 변이 바이러스를 명명하고 있다(2021. 5. 31.)[5].

변이 바이러스는 유전자 분석을 통해 확인이 가능하며, Global Initiative on Sharing All Influenza (GISAID) 데이터베이스 및 PANGO Lineages site 등을 통해 코로나19 변이 바이러스와 관련한 다양한 유전적 정보가 전 세계적으로 공유되고 있다[6,7]. 질병관리청은 코로나19 변이 바이러스에 대한 신속한 파악 및 대응을 위해 국내외 상황을 면밀하게 모니터링하고, 전장유전체분석 등 유전자 감시를 통해 확인한 국내 변이 정보를 질병관리청 홈페이지에 매주 업데이트하여 게시하고 있으며, 확보한 바이러스의 염기서열 정보는 GISAID를 통해 국제적으로 공유하고 있다.

이 글에서는 현재까지 국내에서 발생한 변이 바이러스 감시 결과를 기술하여 국내의 변이 바이러스 유행 현황을 파악하고, 환자 관리 및 확산 방지를 위한 근거 기반 대응 전략에 활용가능한 정보를 제공하고자 한다.

몸 말

1. 분석 대상

질병관리청은 2020년 1월 20일 국내 첫 코로나19 확진자가 발생했을 때부터 바이러스 감염원을 추적·분석하고, 진단에 영향을 미치거나 전파력 및 병원성 등에 변화를 초래하는 유전자 변이를 확인하기 위해 유전자 감시(genomic surveillance)를 지속적으로 수행하고 있다. 해외유입 사례의 경우는 변이 바이러스 유입 위험도에 따라서 우선순위 대상 국가를 지정하여 분석하고,

국내감염 사례의 경우는 개별사례 또는 신규 집단사례를 대상으로 무작위 표본추출(단순임의추출)을 통해 일일확진자의 약 20%를 분석하고 있다.

특히 해외로부터 변이 바이러스의 유입 및 국내 확산에 대응하기 위해 WHO에서 제공하는 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(VOI) 정보를 참고하여 국내에서도 해당 변이 바이러스에 대한 감시와 분석을 강화하여 실시하고 있다.

2. 주요 변이 바이러스(VOC) 및 기타 변이 바이러스(VOI)

2021년 2월 25일 WHO는 변이 바이러스에 대한 공중보건학적인 조치를 권장하기 위해 주요 변이 바이러스(VOC)와 기타 변이 바이러스(VOI)를 분류하였다. 주요 변이 바이러스(VOC)는 전파력, 병원성, 백신 유효성 등에 부정적 변화가 확인되어 공중보건학적인 조치가 필요한 유형이고, 기타 변이 바이러스(VOI)는 표준주와 다른 아미노산 변이를 보유하고 지역사회 전파 또는 다수 국가 검출이 확인되고 있으나, 임상역학적 위험도가 확인되지 않은 유형이다.

주요 변이 바이러스(VOC)에는 영국 유래의 알파, 남아공 유래의 베타, 브라질 유래의 감마, 인도 유래의 델타, 남아공 등의 다수 국가에서 유래한 오미크론이 있고, 현재까지 확인된 주요 변이 바이러스의 특성은 표 1에 기술하였다[8,9,10]. 기타 변이 바이러스(VOI)는 페루 유래의 람다, 콜롬비아의 뮤 변이가 있으나, 8월 이후 기타 변이 바이러스(VOI)는 국내에서 검출되지 않았다.

3. 해외 코로나19 변이 바이러스 현황

코로나19 유전자 데이터베이스에 등록된 전 세계 변이 바이러스 현황을 분석한 결과(그림 1), 7월부터 델타가 90% 이상을 점유하였으나, 11월 오미크론의 출현과 함께 12월부터 감소하였다. 전파력이 높은 오미크론은 전 세계로 확산하며 12월 42.1%, 1월 95.1%의 점유율을 나타내어 전 세계적인 우세종이 되었다[6]. 주요 국가별로는 오미크론을 가장 먼저 WHO에 보고한 남아공에서 11월에 오미크론 우세화를 확인할 수 있었고, 영국, 호주, 미국, 이스라엘, 덴마크, 스페인, 싱가포르 등에서는 12월에 오미크론 우세화가

확인되었다. 대한민국은 뉴질랜드, 리투아니아 등과 함께 1월 중순경 오미크론이 우세종이 되었다.

오미크론이 확산되며 오미크론의 계통은 기존의 B.1.1.529에서 BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.3 계통으로 세분화되었다. 1월 BA.1은 54.3%, BA.1.1은 34.1%, BA.2 6.7%의 점유율을 각각 나타내었으나, 최근 BA.2의 증가 추세가 확인되고 있으며, 특히 덴마크, 인도, 남아공,

네팔, 필리핀 등에서 증가가 확인되었다. BA.2는 BA.1과 달리 스파이크(S) 단백질의 69-70결실이 없는 특징이 있다. 영국 등 일부 국가에서 사용하는 PCR 진단 시약은 69-70결실을 타겟으로 포함하여 코로나19 진단과 함께 오미크론 추정에도 활용하고 있으나, BA.2는 69-70결실이 없어 해당 시약으로는 PCR 진단시 S 단백질이 검출이 안되어(Spike gene target failure, SGTF) 오미크론으로 추정을

표 1. 주요 변이 바이러스의 특징

WHO 명칭	Pango lineage*	GISAID	최초 확인	특성
알파	B.1.1.7 (Q.1~Q.8)	GRY	영국 2020.9.	<ul style="list-style-type: none"> 전파력 1.5배 증가 입원 증가, 중증도 · 사망위험도 증가 백신효과 유지
베타	B.1.351 (B.1.351.1~ B.1.351.5)	GH/501Y.V2	남아공 2020.5.	<ul style="list-style-type: none"> 전파력 1.5배 증가 입원 및 병원내 사망위험도 증가 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보호효과 유지(제한적 근거)
감마	P.1 (P.1.1~P.1.17)	GR/501Y.V3	브라질 2020.11.	<ul style="list-style-type: none"> 전파력 약 2배 증가 입원 및 중증도 증가 백신효과 불분명(제한적 근거)
델타	B.1.617.2 (AY.1~AY.133)	GK	인도 2020.10.	<ul style="list-style-type: none"> 알파형 변이 대비 1.6배 높은 전파력 입원 증가 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보호효과 유지
오미크론	B.1.1.529 (BA.1~BA.3)	GRA	다수 국가 2021.11	<ul style="list-style-type: none"> 델타형 변이 대비 2~3배 높은 전파력 입원 및 중증도 감소 재감염 가능성 증가 백신효과 감소, 중증감염에 대한 보고효과 감소

* 모든 후대 계통을 포함

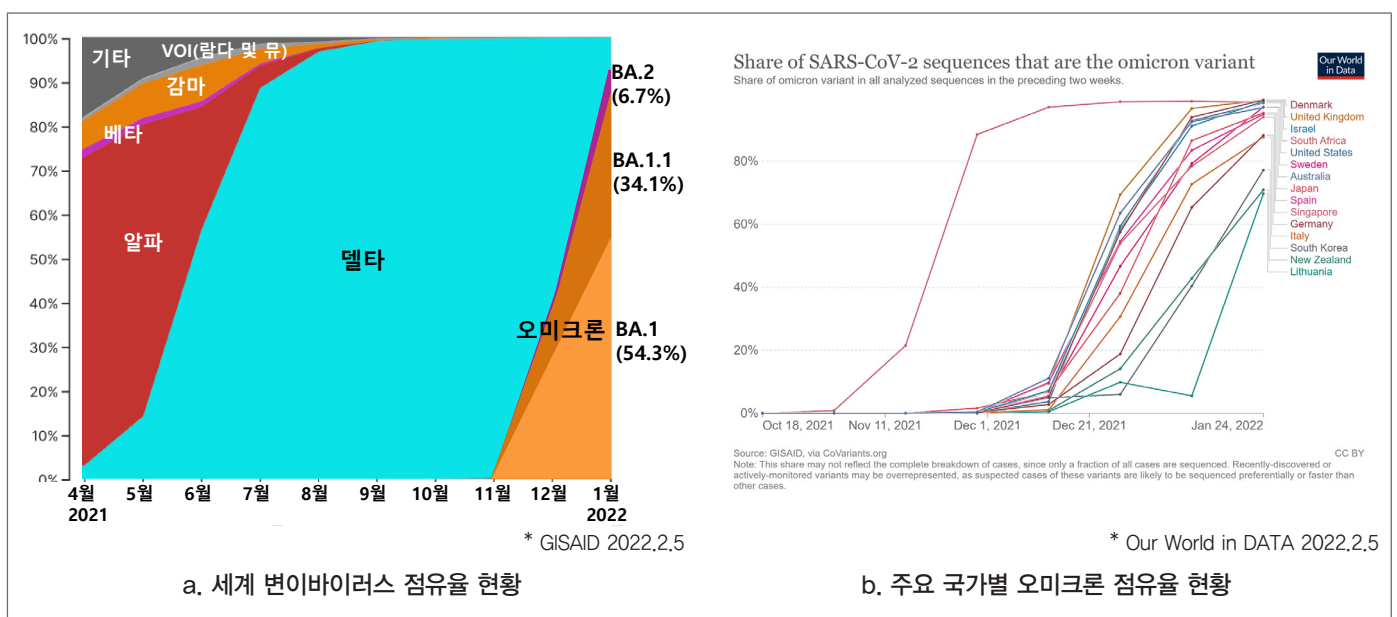


그림 1. 해외 변이 바이러스 점유율 현황

할 수가 없고, 이러한 특징 때문에 '스텔스 오미크론'이라고도 불리고 있다[11]. 초기 제한적인 연구결과에 따르면 BA.2가 BA.1보다 높은 전파력을 나타내고, 입원율, 백신효과 등은 BA.1과 BA.2가 유사한 것으로 나타나고 있으나, 추가 연구가 필요한 상황이다[12,13].

4. 국내 코로나19 바이러스 유전자 분석 및 변이 감시 결과

질병관리청은 2020년 1월 20일 코로나19 바이러스 유전체 분석을 시작한 이후부터 2022년 2월 5일까지 국내 발생 및 해외유입 확진자 대상 총 135,818건(국내 121,506건, 해외 14,312건)에 대한 유전자 분석을 실시하였다(국내 전체 확진자의 14.5%). 특히 변이 바이러스가 해외입국자 중 국내에서 처음 확인된 2020년 12월

28일 이후 분석 역량 확대를 지속 추진하여, 2월부터 질병대응센터 5개소에서는 스파이크(S) 단백질을 타겟으로 하는 유전자 분석을 실시하였고, 7월부터는 18개 시도보건환경연구원에서 주요 변이 4종(알파, 베타, 감마, 델타)에 대한 변이 PCR 분석에 순차적으로 착수하였다. 보통 5~7일이 소요되는 전장유전체분석 외에 3~4일 소요되는 S 단백질 유전체 분석, 1~2일 소요되는 변이 PCR 분석을 추가함으로써 변이 바이러스 분석시간 단축과 함께 분석량을 효과적으로 확대할 수 있었다. 또한 11월 26일 오미크론의 주요 변이 바이러스 지정과 함께 신속하게 대응하기 위해 오미크론 변이 PCR 개발에 착수하였고, 12월 30일부터 권역별대응센터 및 시도보건환경연구원에 보급하여 오미크론 분석을 시작하였다. 그 결과 2021년 4월 확진자 대비 분석률은 16.9%(3,190건)이었고,

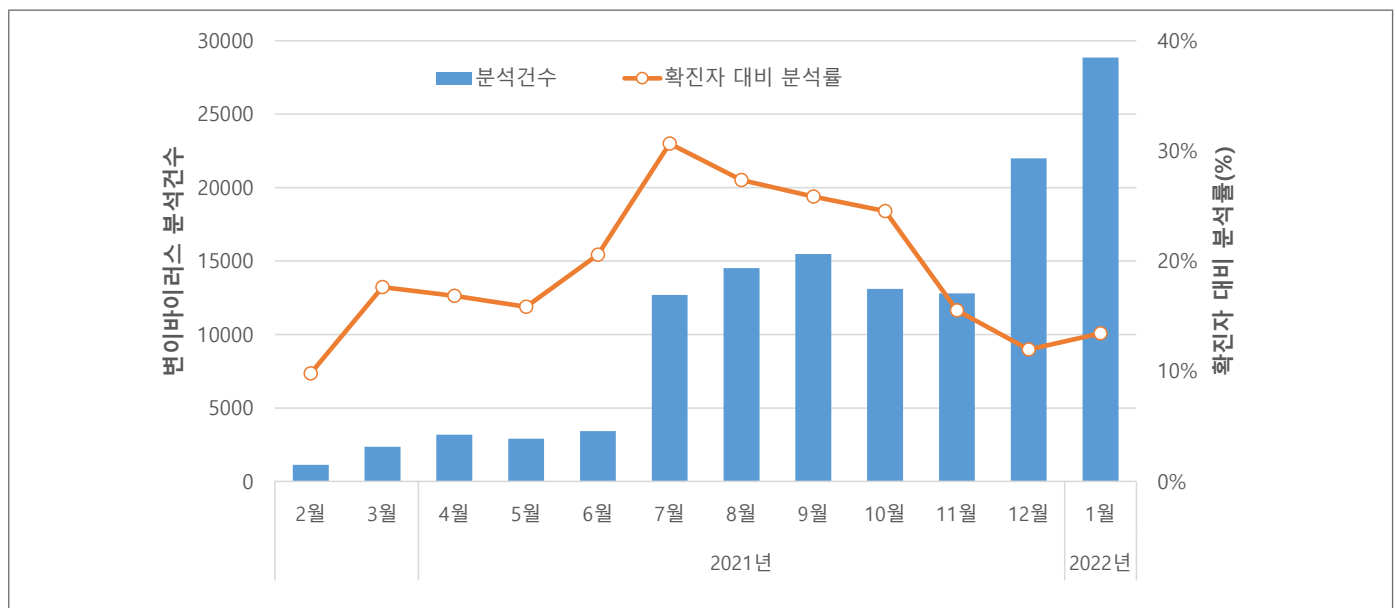


그림 2. 코로나19 변이 바이러스 분석 건수 및 확진자 대비 분석률

표 2. 주요 국가별 확진자 대비 변이 분석률 현황(2021년)

(Our world in data 및 GISAIID 등, 2022.2.5.)

구분	대한민국	영국	미국	스웨덴	벨기에	독일	스페인	이탈리아	프랑스
2021년 전체	17.6%	14.4%	6.2%	15.8%	5.2%	6.4%	1.9%	2.1%	2.2%
11월	15.1%	19.9%	9.7%	29.8%	1.6%	3.6%	4.4%	2.8%	5.2%
12월	12.1%	9.7%	4.8%	5.2%	2.0%	4.1%	0.8%	0.9%	1.1%
비고*	환자수	증	증	증	감	감	증	증	증
	분석률	감	감	감	증	증	감	감	감

* 11월 대비 12월 환자수 및 분석률 증감 현황

7월에는 30.7% (12,689건)까지 증가하였다. 이후 계속 20% 이상의 분석률을 유지하다 11월 이후 국내 확진자 증가로 분석률이 감소추세를 보였으나, WHO 및 유럽질병관리예방센터(European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC)에서 권고하는 5~10% 이상의 변이 분석을 실시하였다(그림 2). 해외 주요 선진국의 2021년 변이 바이러스 분석률은 영국 14.4%, 미국 6.2%, 독일 6.4% 등을 나타내고, 대한민국은 17.6%에 대한 분석을 실시하였다. 오미크론이 전 세계적으로 확산된 11월부터 확진자가 급증하며 영국의 경우 11월 19.9%에서 12월 9.5%로 분석률이 감소하였고, 미국도 9.7%에서 4.8%로 감소하는 등 전 세계 주요 국가의

분석률도 상대적으로 감소하는 경향을 나타내었다(표 2).

국내에서도 WHO와 같이 주요 변이 바이러스(VOC)를 정의하며 변이를 감시한 결과, 2020년 12월부터 2021년 2월 5일까지 주요 변이 바이러스가 총 118,450건 확인되었고, 델타 92,271건, 오미크론 22,703건, 알파 3,296건, 베타 153건, 감마 27건 순으로 확인되었다(그림 3).

해외유입사례의 경우 2021년 4월(13.6%) 델타가 국내에 처음 유입된 후, 5월 39.3%, 6월 76.2%의 검출률을 보이며, 해외유입 사례 절반 이상을 차지하였다. 델타의 전 세계적인 확산과 함께 국내에 입국하는 확진자에서도 델타 사례가 계속 증가하여 7월부터



그림 3. 주요 변이 바이러스(VOC) 확인 건수 및 월별 검출률

*확진일 기준, **변이 바이러스 검출률(%) = (변이 바이러스 수 / 분석 건수) × 100

90% 이상의 검출률을 나타내었다. 11월말 오미크론이 출현한 후, 국내에서도 나이지리아를 다녀온 여행자로부터 오미크론이 처음 검출되었다. 이후 해외유입사례에서도 오미크론이 급증하여 12월 52.8%, 2022년 1월 96.4%의 검출률을 나타내었다.

국내감염사례의 경우 2021년 4월까지의 알파 변이가 13.7%의 가장 높은 검출률을 나타내었다. 해외유입사례에서 먼저 확인된 델타가 국내감염 사례에서도 4월(0.1%)에 첫 확인된 후, 7월 59.6%로 우세종이 되었다. 이후 델타는 90% 이상의 검출률을 보이다 11월 말 국내에 오미크론이 유입된 이후 급감하여 2022년 1월 검출률 36.1%를 보이며 지속 감소하였다. 나이지리아를 다녀온 여행자와 접촉한 사례로부터 국내 첫 감염이 확인된 오미크론은 12월에 3.9%의 검출률을 보이며 국내에서 급격히 전파되었고, 2022년 1월 63.9%의 검출률을 나타내며 우세종이 되었다. 권역별로는 수도권에서 오미크론이 2022년 2주차에 54.4%의 검출률을 보이며

우세종이 되었고, 호남권은 2주차에 78.5%, 강원권은 2주차에 54.2%, 경북권은 3주차에 85.6%, 충청권은 3주차에 81.4%, 제주권은 3주차에 77.3% 경남권은 3주차에 70.5%의 검출률을 보이며 우세종이 되었다(그림 4).

국내 유행하는 바이러스의 세부계통을 분석하기 위해 2021년 4월부터 2022년 2월 5일까지 생산한 전장유전체 24,327건을 분석하였다(그림 5). 해외유입사례의 경우 4월부터 델타의 다양한 세부계통이 확인되었다. AY.122 (16.2%), B.1.617.2 (9.8%), AY.23 (8.0%) 등 100여 가지 델타 세부계통이 확인되었으나, 12월부터 오미크론의 확산과 함께 감소하였다. 2022년 1월 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 42.5%, BA.1 38.8%, BA.2 17.4%를 나타내었다. 최근 전세계적으로 증가세가 확인되는 BA.2도 2021.12월 3.2%에서 2022년 1월 17.4%로 유입 증가가 확인되었다. 국내감염사례에서도 4월 델타가 처음 확인된 후 지속 증가였다. 델타의 세부계통 AY.690이

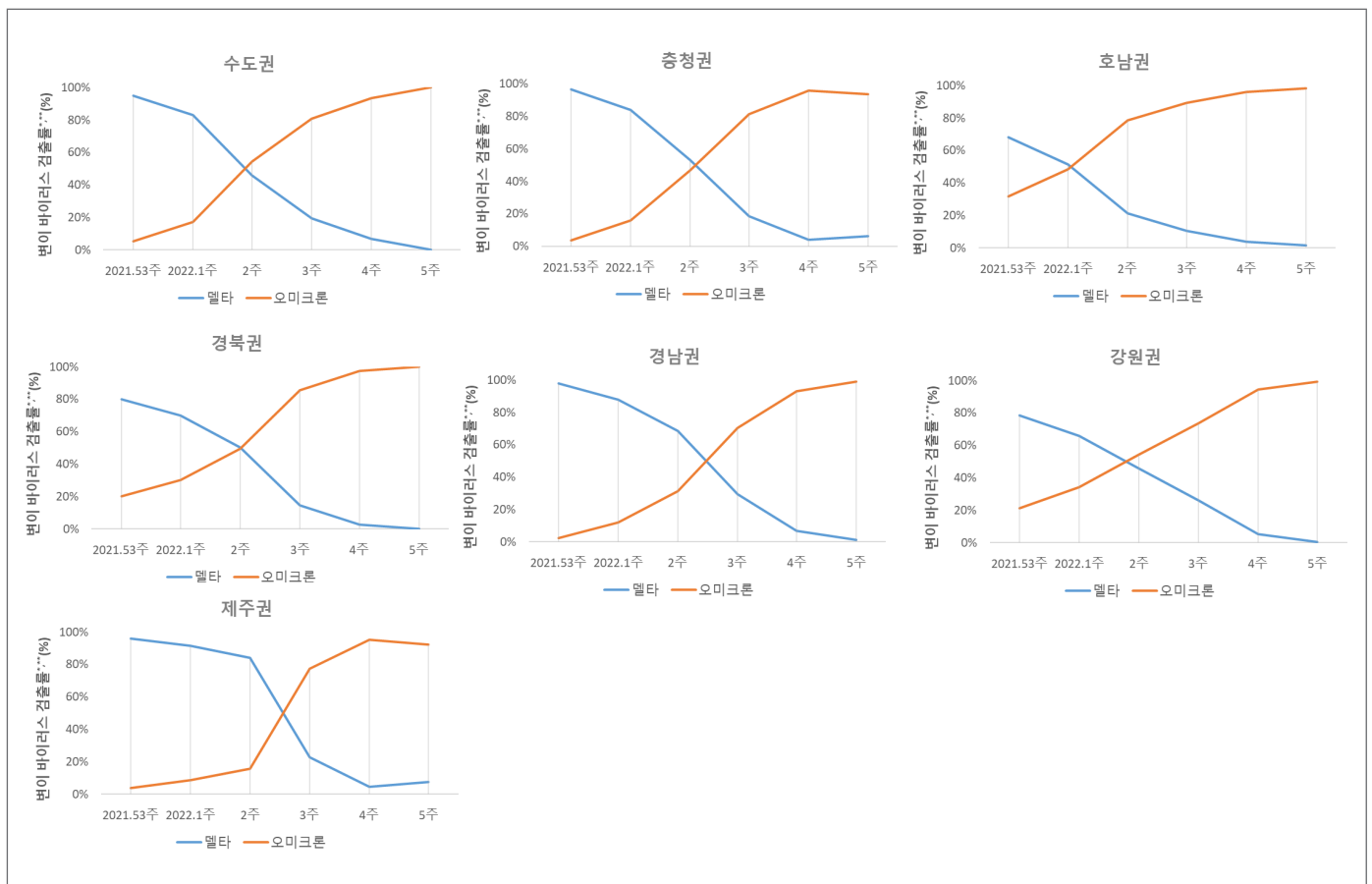


그림 4. 권역별 델타 및 오미크론 변이 바이러스의 주차별 검출률

*확진일 기준, **변이 바이러스 검출률(%) = (변이 바이러스 수 / 분석 건수) × 100

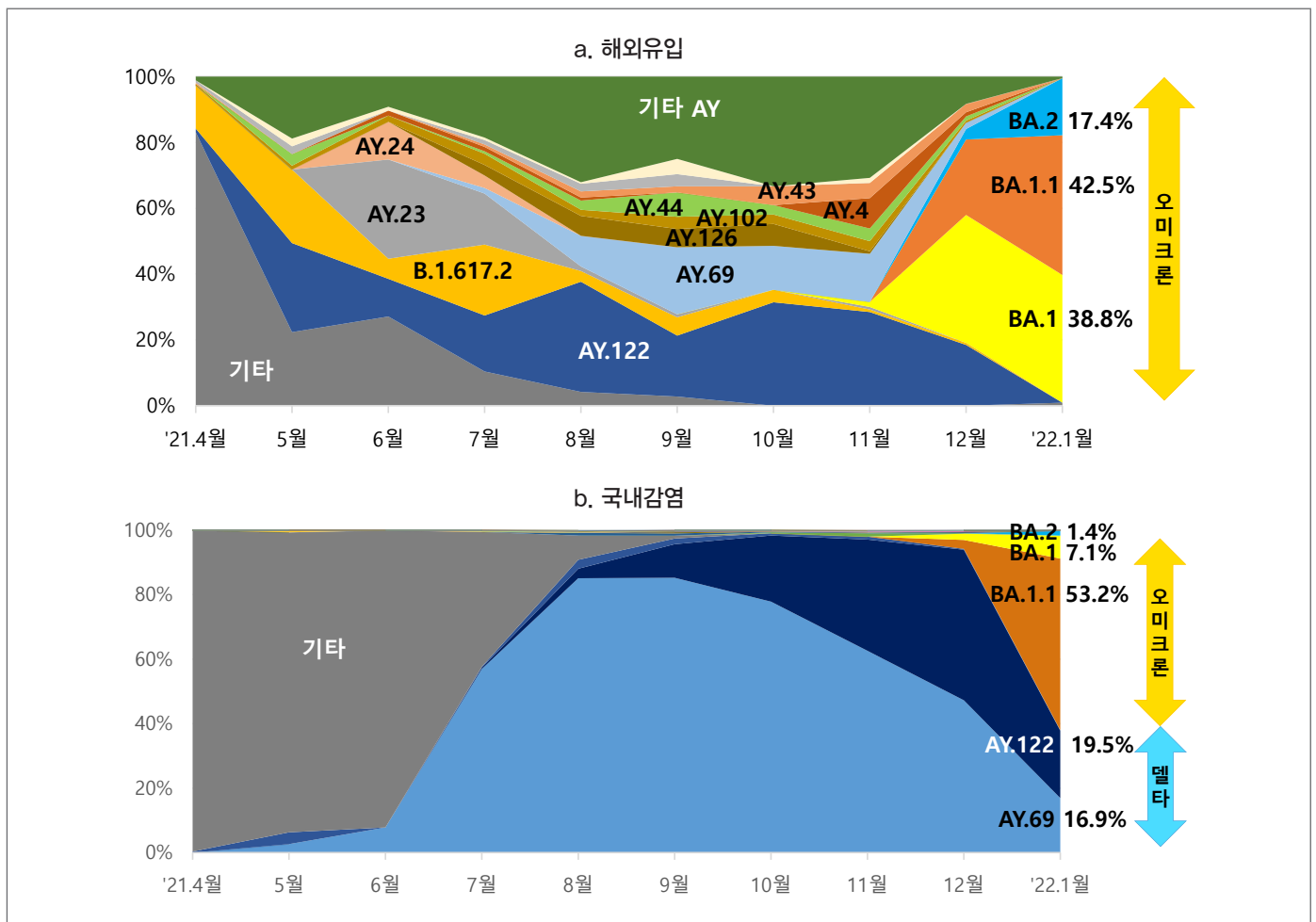


그림 5. 국내 변이 바이러스 세부계통별 점유 현황

대부분(56.7%)를 차지하였고, 7월 이후에는 AY.122 (19.67%)가 확인된 후 증가추세를 나타내며 8월부터 델타의 세부계통이 90% 이상을 점유하였으나, 12월 오미크론이 검출되기 시작하며, AY.69와 AY.122 모두 감소세를 나타낸 결과, 2022년 1월 점유율은 각각 16.9%와 19.5%를 나타내었다. 오미크론이 처음 확인된 2021년 12월, 세부계통은 BA.1 1.9%,

BA.1.1 2.8%의 점유율을 나타내었고, 이후 급격히 확산되며 2022년 1월 BA.1 7.1%, BA.1.1 53.2%, BA.2 1.4%의 점유율을 보여, BA.1.1이 가장 우세하였다. 1월에 처음 확인된 BA.2는 아직 점유율은 낮으나 증가하는 추세를 보여 지속적인 모니터링이 필요한 상황이다. 델타의 경우 해외유입과 국내의 세부계통이 상당한 차이를 나타내었으며, 이는 검역단계를 통해 일부 델타 세부계통만이 국내에서 전파가 이루어졌기 때문으로 사료된다. 오미크론의 경우는

해외유입에서 가장 많이 확인되는 BA.1.1이 국내에서도 우세하게 확인되고 있다. 다만, 해외에서 증가세를 나타내는 BA.2가 국내 전파에도 영향을 미칠 수 있고, 오미크론의 전 세계적 우세화로 인해 다양한 세부계통으로 나뉘어 전파될 수 있으며, 또다른 신규 변이가 발생하여 국내에도 유입될 수 있어 국가별 변이 발생상황에 대한 모니터링과 지속적인 변이 바이러스 감시 및 분석이 필요하다.

맺는 말

중앙방역대책본부 진단분석단 검사분석팀은 코로나19 전장유전체분석 등을 통해 코로나19의 변이 바이러스와 유전적 특성을 분석하고, 변이 PCR 도입 등 분석법 개발 및 지자체 참여

등을 통해 역량을 확대하였다. 그 결과 주요 변이 바이러스 알파, 베타, 감마, 델타, 오미크론을 신속하게 검출하고 그 추이를 분석한 정보를 제공하여 코로나의 확산에 효과적으로 대응할 수 있었다. 현재 오미크론이 전 세계적으로 우세화되어 다수의 확진자가 발생하고 있으나, 바이러스의 특성상 변이가 지속적으로 나타나고, 모든 변이가 문제가 되는 것은 아니지만, 일부 변이 바이러스의 전파가 확산될 가능성도 항상 존재하고 있다. 이에 변이 바이러스 확산과 신규 변이 바이러스 출현에 대응하기 위해서는 국가별 변이 바이러스 발생 상황에 대한 모니터링과 함께 지속적인 변이 바이러스 감시 및 특성 분석이 필요하다.

① 이전에 알려진 내용은?

2019년 12월 말부터 영국, 남아프리카공화국, 브라질 등에서 유래한 코로나19 변이 바이러스가 나타난 이후 2020년 4월부터 인도 유래의 델타 변이 바이러스가 전 세계로 확산되었고, 2022년 1월 현재 오미크론 변이 바이러스가 전 세계에서 유행하고 있다. 변이 바이러스는 전파력 및 병원성 증가, 면역반응 감소 등 기존 바이러스와는 차이를 나타내는 것으로 알려져 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

국내감염 사례의 경우, 2021년 4월부터 증가한 델타 변이가 2021년 7월 59.6%의 검출률을 나타내어 우세종이 되었으나, 2022년 1월 오미크론 검출률이 63.9%가 되어 국내 우세종이 오미크론으로 바뀌었다. 전장유전체분석을 통한 변이 바이러스 세부계통 분석 결과, 2022년 1월 국내감염 사례에서 확인되는 오미크론 세부계통의 점유율은 BA.1.1 53.2%, BA.1 7.1%, BA.2 1.4%로 확인되었다.

③ 시사점은?

국가별 변이 바이러스 발생 상황에 대한 모니터링과 함께 지속적인 변이 바이러스 감시 및 특성 분석 기반으로 신규 변이 바이러스 출현 및 변이 바이러스 확산에 대한 대응전략 수립이 필요하다.

참고문헌

1. NERVTAG: Brief note on SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 (27 January 2021), <http://www.gov.uk>
2. WHO, Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern (26 November, 2021)
3. WHO, Tracking SARS-CoV-2 variants (26 November, 2021)
4. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (25 February 2021), Special edition: Proposed working definitions of SARS-CoV-2 Variants of Interest and Variants of Concern
5. WHO, Tracking SARS-CoV-2 variants, <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
6. GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza), <https://www.gisaid.org>
7. PANGO Lineages, <https://cov-lineages.org>
8. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (11 January 2022)
9. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (25 January 2022)
10. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (8 February 2022)
11. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (7 December 2021)
12. UKHSA, SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England, Technical briefing 35 (28 January 2022)
13. WHO, COVID-19 Weekly Epidemiological Update (15 February 2022)

감사의 글

변이 바이러스 감시에 참여한 5개 권역별대응센터 진단분석과, 18개 보건환경연구원 담당자 분들께 감사드립니다.

Abstract

Status and characteristics of the SARS-CoV-2 variant outbreak in the Republic of Korea in January 2021

Kim Il-Hwan, Park Ae Kyung, Lee Hyeokjin, Kim Heui Man Kim Junyoung, Kim Jeong-Ah, No Jin Sun, Lee Chae young, Rhee JeeEun, Kim Eun-Jin
Laboratory Analysis Team, Laboratory Diagnosis Task Force, Central Disease Control Headquarters, Korea Disease Control and Prevention Agency

As the coronavirus disease 2019 (COVID-19), which occurred in December 2019, spreads worldwide, variant viruses such as Alpha, Beta, Gamma, Delta, and Omicron are continuously emerging. The Delta variant from India spread rapidly among countries from April and became the dominant variant, and its incidence then decreased from December 2021. The Omicron variant, which was reported in South Africa in November, is now the dominant variant and is prevalent worldwide.

The Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) has been conducting genomic surveillance to track, analyze the source of infection and identify genetic mutations of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2). As a result of conducting genome sequencing and PCR analysis on positive samples of confirmed cases related to local infection and overseas imports, a total of 118,450 variants of concern (VOC) (Delta 92,271, Omicron 22,703, Alpha 3,296, Beta 153, and Gamma 27) were confirmed from January 2020 to February 5, 2022. Regarding imported cases, after the Delta variant was first confirmed in Korea in April 2021, its detection rate was 39.3% in May and 76.2% in June. The Delta variant was confirmed in most cases; the detection rate of the Omicron variant in December was 52.8%, showing a changed trend, and that in January 2022 was 96.4%. Regarding domestic infection, Delta became the dominant variant with a detection rate of 59.6% in July 2021; however, Omicron became the dominant variant in January 2022 with a detection rate of 63.9%. As a result of the sub-lineage analysis of variants via whole genome analysis, the proportions of Omicron sub-lineages confirmed in domestic infections in January were 53.2%, 7.1%, and 1.4% for BA.1.1, BA.1, and BA.2, respectively.

The KCDA has been providing evidence to prevent the spread of COVID-19 by rapidly detecting and analyzing variant viruses and conducting continuous monitoring to respond to the emergence of new SARS-CoV-2 variants.

Keywords: Coronavirus Disease-19 (COVID-19), SARS-CoV-2, Genomic surveillance, Whole Genome Sequencing, Variant of Concern (VOC), Variant of Interest (VOI)

Table 1. Characteristics of variants of concern (VOC)

WHO label	Pango lineage*	GISAID	Earliest Documented Samples	Phenotypic impacts
Alpha	B.1.1.7 (Q.1~Q.8)	GRY	United Kingdom Sep. 2020	<ul style="list-style-type: none"> Increased transmissibility Possible increased risk of hospitalization and possible increased risk of severe disease and death Vaccine performance: Protection retained against all vaccines
Beta	B.1.351 (B.1.351.1~B.1.351.5)	GH/501Y.V2	South Africa May-2020	<ul style="list-style-type: none"> Increased transmissibility Possible increased risk of hospitalization and possible increased in-hospital mortality Vaccine performance: Protection retained against severe disease and reduced protection against symptomatic disease (limited evidence)
Gamma	P.1 (P.1.1~P.1.17)	GR/501Y.V3	Brazil Nov. 2020	<ul style="list-style-type: none"> Increased transmissibility Possible increased risk of hospitalization and possible increased risk of severe disease Vaccine performance: Unclear impact (limited evidence)
Delta	B.1.617.2 (AY.1~AY.133)	GK	India Oct. 2020	<ul style="list-style-type: none"> Increased transmissibility Possible increased risk of hospitalization Vaccine performance: protection retained against severe disease and possible reduced protection against symptomatic disease and infection
Omicron	B.1.1.529 (BA.1~BA.3)	GRA	Multiple countries Nov. 2020	<ul style="list-style-type: none"> Increased transmissibility and reinfection Reduced risk of hospitalization and severe disease Vaccine performance: Reduced protection against infection and symptomatic disease and possible reduced protection against severe disease

* Includes all descendent lineages

Table 2. Variant analysis rate compared with confirmed cases in major countries (2021)

(Our world in data, GISAID, '22.2.5.)

	Republic of Korea	United Kingdom	United States	Sweden	Belgium	Germany	Spain	Italy	France
2021 total	17.6%	14.4%	6.2%	15.8%	5.2%	6.4%	1.9%	2.1%	2.2%
Nov.	15.1%	19.9%	9.7%	29.8%	1.6%	3.6%	4.4%	2.8%	5.2%
Dec.	12.1%	9.7%	4.8%	5.2%	2.0%	4.1%	0.8%	0.9%	1.1%
Note*	No. of Patient	Increased	Increased	Increased	Increased	Decreased	Decreased	Increased	Increased
	Analysis rate	Decreased	Decreased	Decreased	Decreased	Increased	Increased	Decreased	Decreased

* Changes in the number of patients and analysis rate in December compared to November

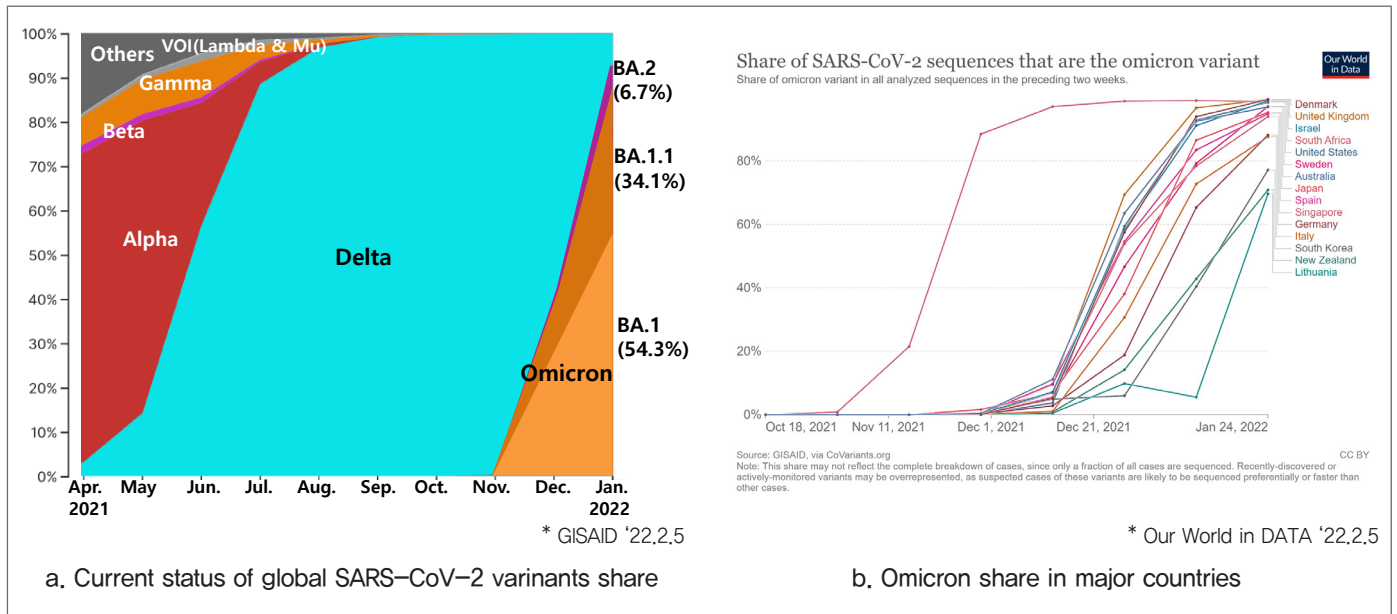


Figure 1. Current status of global SARS-CoV-2 variants

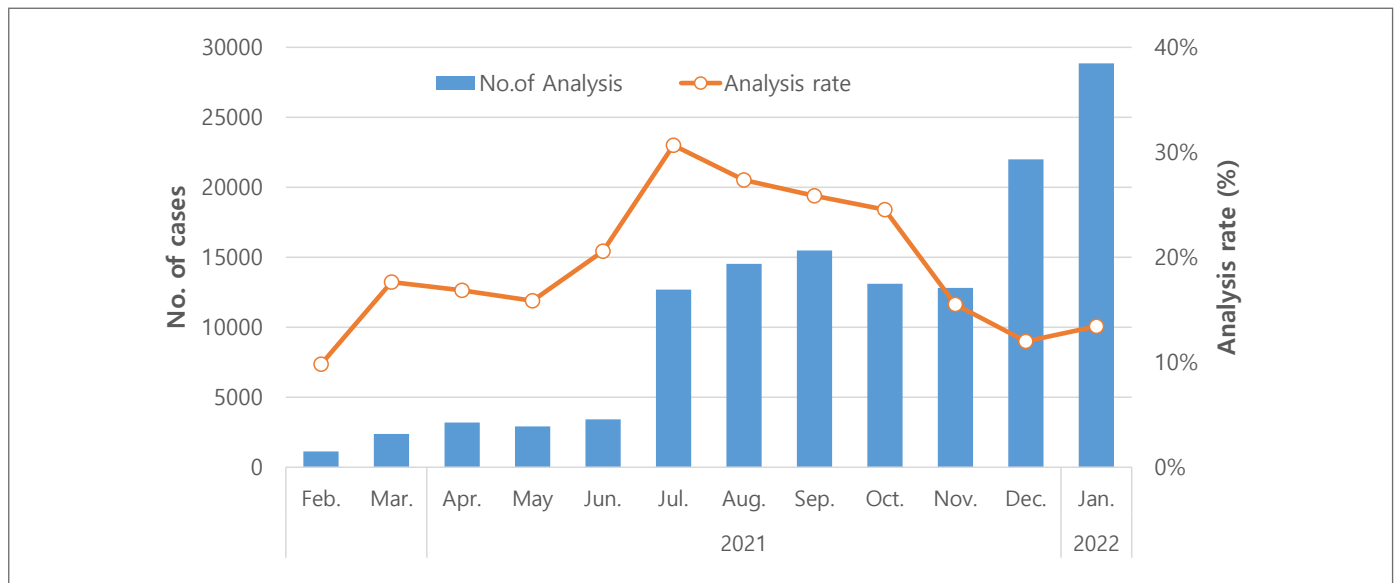


Figure 2. Number of analyzed coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases and rate of analyzed isolates among confirmed cases

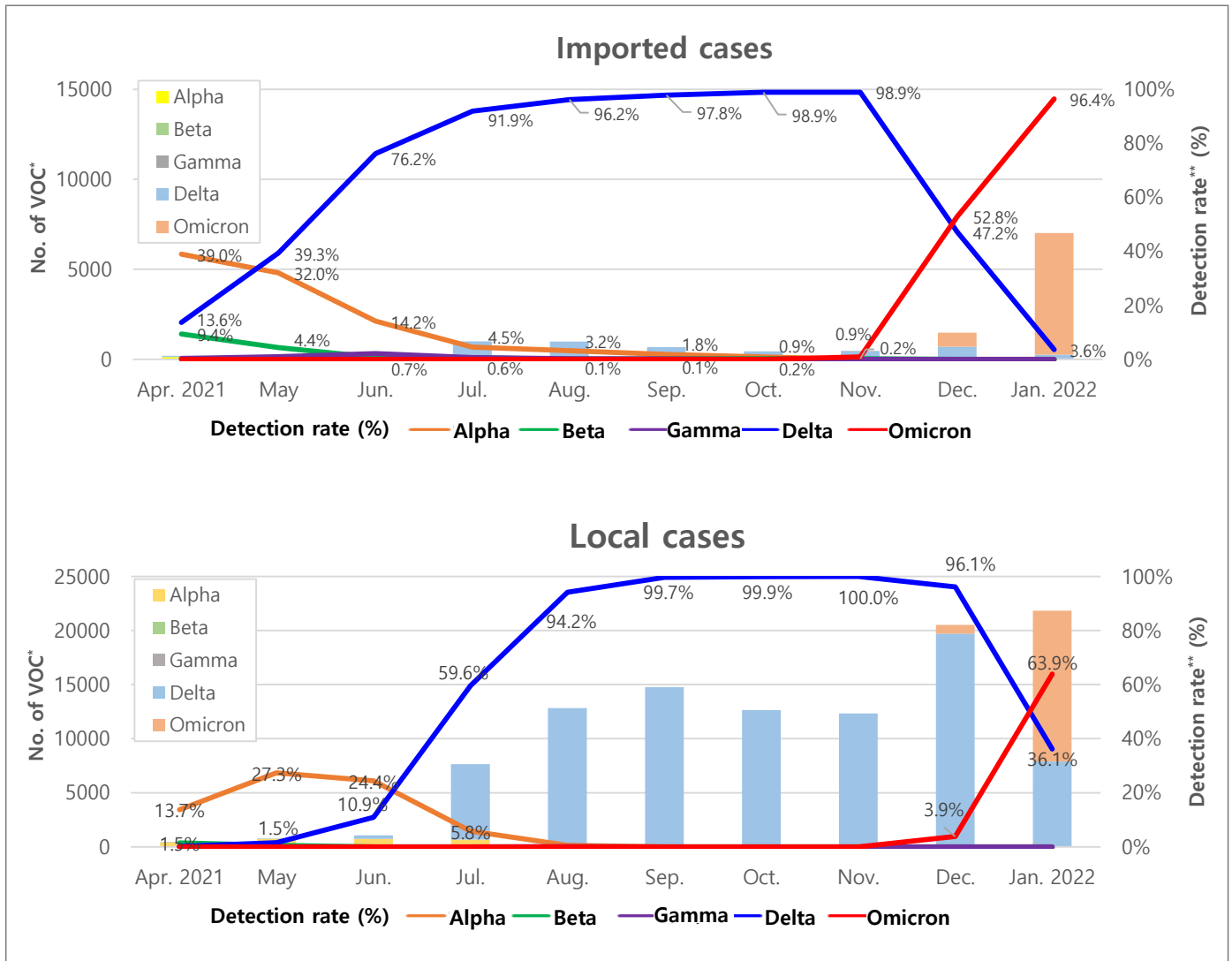


Figure 3. Monthly distribution of SARS-CoV-2 variants

* Based on the date each case was confirmed

** Detection rate of variant (%) = (number of variants / number of analyzed virus) X 100

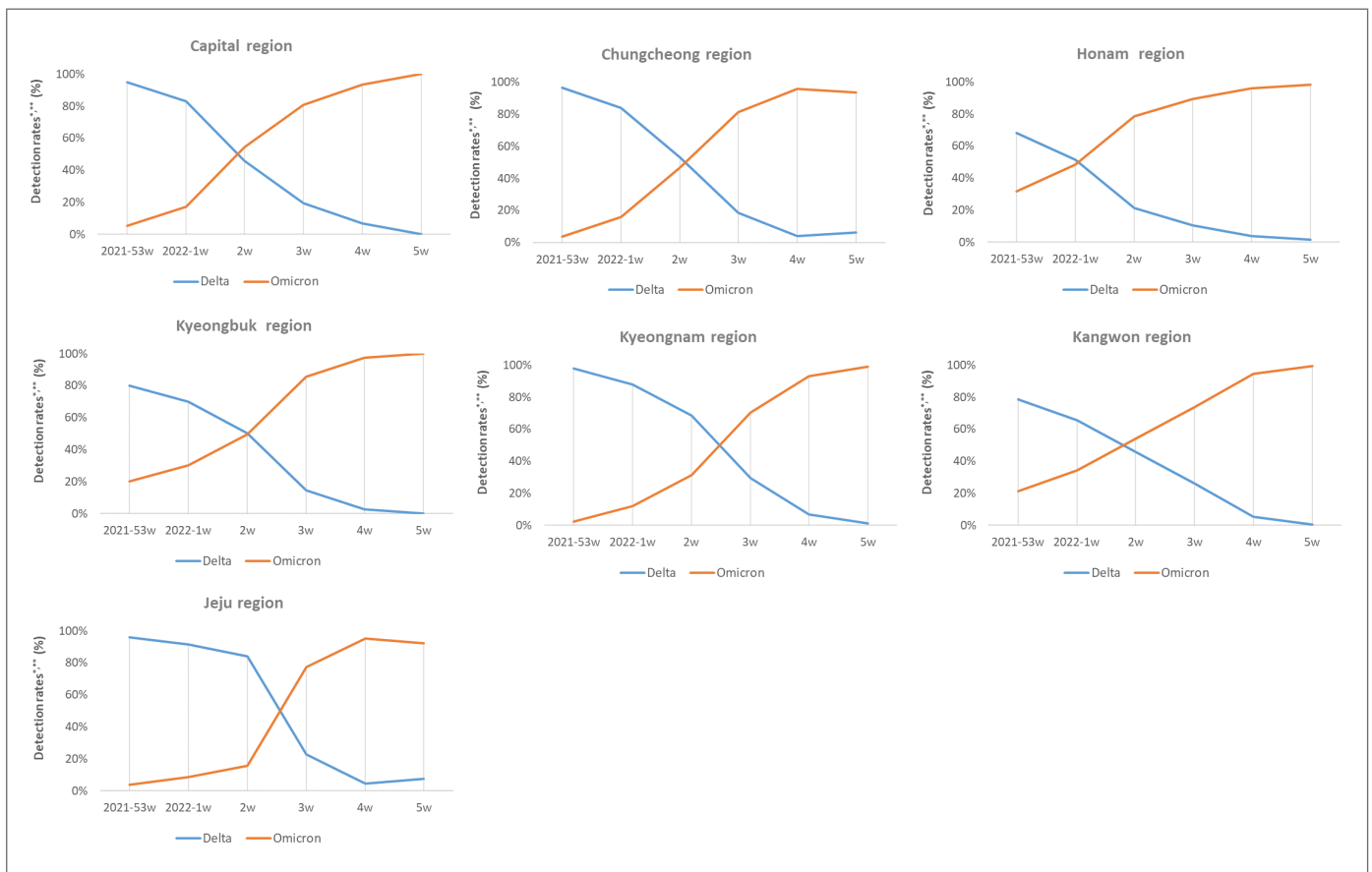


Figure 4. Regional occurrence of Delta and Omicron variants

* Based on the date each case was confirmed

** Detection rate of variant (%) = (number of variants / number of analyzed virus) X 100

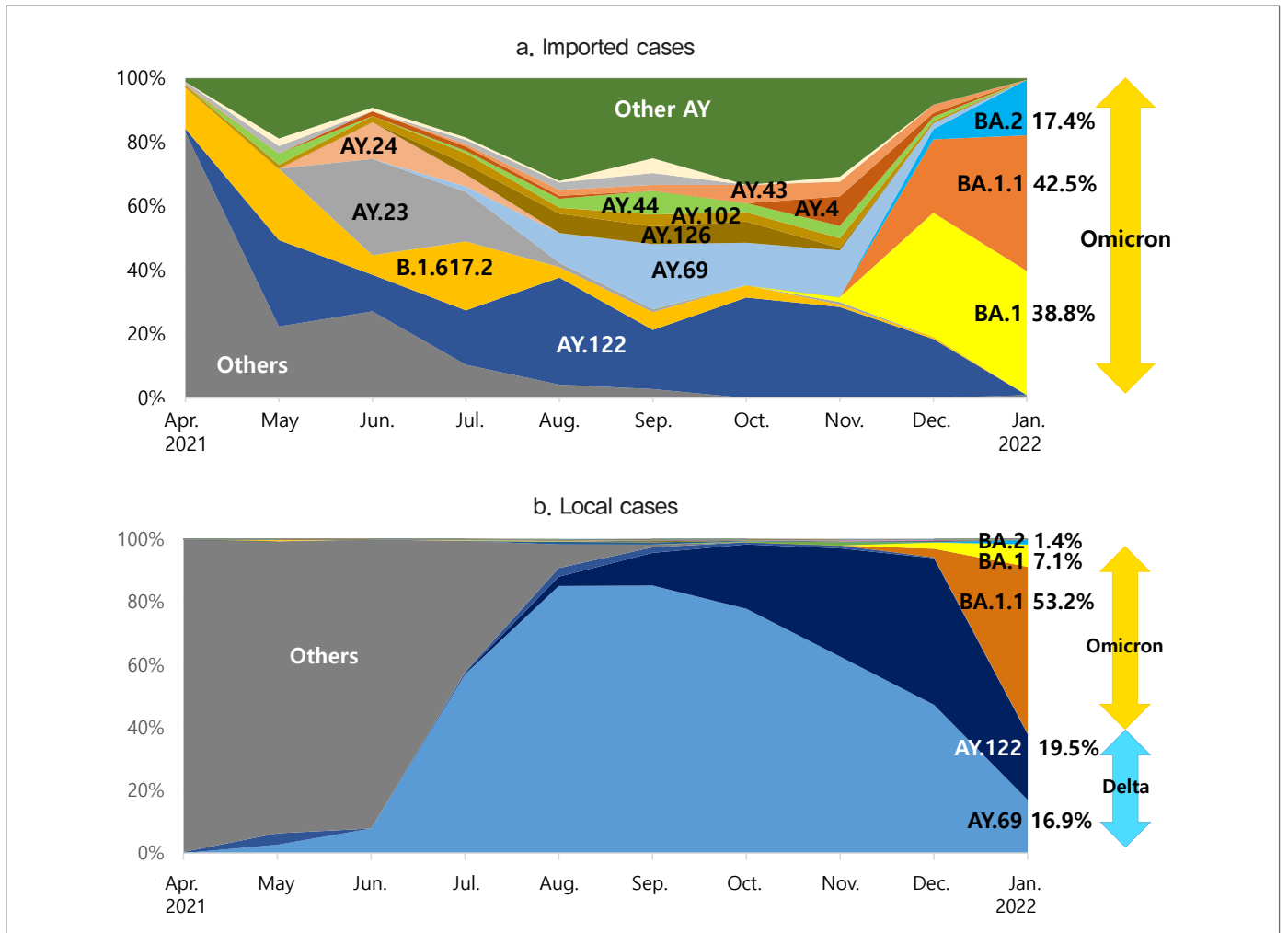


Figure 5. Current status of SARS-CoV-2 variants according to PANGO-lineages