



주간 건강과 질병

PHWR

Public Health Weekly Report

Vol. 19, No. 9, March 12, 2026

Content

조사/감시 보고

- 399 코로나바이러스감염증-19 유행 이후 인플루엔자 표본감시
결과보고
- 414 마크로라이드계 항생제 내성 및 Multilocus Sequence Typing
유전형 분석에 따른 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균 현황,
2023-2024년

질병 통계

- 433 만성콩팥병 유병률 추이, 2014-2024년



KDCA

Korea Disease Control and
Prevention Agency

Aims and Scope

Public Health Weekly Report (Abbreviation: *Public Health Wkly Rep*, PHWR)는 질병관리청의 공식 학술지이다.

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

PHWR은 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. PHWR은 주로 국내의 공중보건 관련 정보를 제공하지만 전 세계 연구자들의 투고를 환영한다.

About the Journal

PHWR (eISSN: 3092-491X)은 질병관리청에서 발간하는 학술지이다.

PHWR은 연간 50호의 주간 발간 학술지로 매주 목요일에 발행되며, 신속한 전문가 심사 과정을 통해 정보를 적시에 공유한다. 또한, PHWR은 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

PHWR에 투고하고자 하는 모든 논문의 접수는 온라인 투고시스템(<https://www.phwr.org/submission>)을 통해서 가능하며 논문투고 시 필요한 모든 내용은 원고 투고 규정과 보고 지침을 참고한다. PHWR은 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: 2026년 3월 12일

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

동작구 건강관리청

이선희

부산대학교 의과대학

이윤환

아주대학교 의과대학

이재갑

한림대학교 의과대학

이혁민

연세대학교 의과대학

이형민

질병관리청

전경만

삼성서울병원

정은옥

건국대학교 이과대학

정재훈

고려대학교 보건대학원

최선화

국가수리과학연구소

최원석

고려대학교 의과대학

최은화

서울대학교어린이병원

허미나

건국대학교 의과대학

사무국

권정민

질병관리청

김시우

질병관리청

김재홍

질병관리청

박희빈

질병관리청

이희재

질병관리청

원고편집인

이문주

(주)메드랑

코로나바이러스감염증-19 유행 이후 인플루엔자 표본감시 결과보고

김지아 , 김윤경 , 송정숙 , 김동근 , 이형민* 

질병관리청 감염병정책국 감염병관리과

초 록

목적: 본 연구는 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 대유행 이후 국내 인플루엔자 발생 양상의 변화를 파악하기 위해 2023-2024절기와 2024-2025절기의 인플루엔자 표본감시 결과를 분석하고, 절기별 유행 특성을 비교분석하고자 하였다.

방법: 2023년 36주부터 2025년 35주까지 질병관리청 방역통합정보시스템을 통해 신고된 의원급 의료기관의 인플루엔자 의사환자 감시 자료, 병원급 의료기관의 인플루엔자 입원환자 감시 자료, 인플루엔자 바이러스 병원체 감시 자료를 수집하여 연령별 및 시기별 발생 양상과 바이러스 검출 특성을 분석하였다.

결과: 2023-2024절기에는 인플루엔자 의사환자 분율이 코로나19 이전 수준으로 회복되며 2023년 49주에 정점을 기록하였고, 입원환자 수도 전 절기 대비 증가하였다. 2024-2025절기에는 인플루엔자 의사환자 분율이 현재와 유사한 수준의 표본감시체계가 구축된 2016년 이후 최고 수준을 보였다. 두 절기 모두 7-18세 학령기 연령층이 유행을 주도하였으며, 입원환자는 65세 이상 고령층에서 높은 비중을 차지하였다. 병원체 감시에서는 인플루엔자 A형과 B형 바이러스의 유행이 확인되었다.

결론: 코로나19 이후 인플루엔자 유행은 이전과는 다른 양상을 보이고 있으며, 이는 면역부채의 영향이 지속되고 있기 때문으로 추정된다. 이를 면밀히 모니터링하기 위해 의원급 인플루엔자 표본감시기관 확대를 통한 지역별 감시 대표성 향상과 함께, 주간소식지 및 플루온(FluON)을 활용하여 의료계와 국민에게 감시정보를 신속하고 투명하게 제공함으로써 국가 인플루엔자 대응 및 관리 역량을 지속적으로 강화할 예정이다.

주요 검색어: 인플루엔자; 인플루엔자 의사환자(ILI) 분율; 표본감시체계

서 론

인플루엔자는 인플루엔자 바이러스(influenza virus) 감염에 의한 급성 호흡기질환으로 흔히 ‘독감’으로 알려져 있으며 전 세계적으로 매년 약 10억 명이 감염되며, 3-5백만 명이

중증으로 악화되고, 29-65만 명이 사망하는 것으로 추정되는 감염병이다[1]. 세계보건기구(World Health Organization, WHO)는 각 국가들에 체계적이고 지속적인 인플루엔자 감시체계 운영을 권고하고 있으며, 우리나라는 「감염병의 예방 및 관리에 관한 법률(감염병예방법)」에 따라 인플루엔자를 제4급

Received December 29, 2025 Revised February 9, 2026 Accepted February 9, 2026

*Corresponding author: 이형민, Tel: +82-43-719-7140, E-mail: sea2sky@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?**

우리나라 인플루엔자 표본감시체계는 임상감시, 입원환자감시, 병원체 감시로 구성·운영되며, 연례적으로 동절기인 11월-다음해 4월에 유행하며, 12월-다음해 1월경 정점을 나타낸다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2023-2024절기 인플루엔자 의사환자 분율은 2023년 49주 61.3명(외래환자 1천명 당)으로 정점을 나타내면서 코로나바이러스감염증-19(코로나19) 이전의 유행 양상을 회복하였으며 2024-2025절기 인플루엔자 의사환자 분율은 2025년 1주 99.8명으로 정점을 기록하며 2016년 이후 최고 수준으로 발생하였다. 연령별로는 코로나19 이후 모든 연령에서 발생이 증가하였으며 학령기(7-18세)에서 가장 많이 발생하였다.

③ 시사점은?

코로나19 유행 이후 인플루엔자 의사환자 분율 및 입원환자 수가 증가하는 양상을 보였으며 병원체 감시 결과에서도 주로 A형에 의한 유행이 확인되었다. 이는 코로나19로 인한 사회적 거리두기 해제 이후 호흡기 감염병 활동이 빠르게 회복되면서 호흡기바이러스 유행 양상의 변화와 면역 부재의 영향임을 추정할 수 있다.

법정감염병으로 지정하여 표본감시체계를 운영 중이다[2].

우리나라는 1997년 전국 70여개 민간의료기관이 참여하는 표본감시체계 시범운영을 시작으로, 2000년 9월부터 의원급 의료기관이 참여하는 ‘인플루엔자 의사환자(influenza-like illness, ILI)’ 국가 감시체계를 구축하였다. 2009년 신종인플루엔자 유행으로 표본감시기관을 인구 5만명 당 1개소 수준인 814개소까지 확대한 바 있으나, 효율적인 감시체계 운영을 위해 2013년부터 감시기관을 200개소로 정비하였고, 감시체계 운영 역량이 개선됨에 따라 2024년부터는 감시기관 수를 300개소까지 확대하였다.

인플루엔자 의사환자 표본감시기관은 소아과, 내과, 가정의학과, 이비인후과 의원급 의료기관이며 매년 36주부터 의

년 35주까지를 하나의 절기로 구분하여 감시체계를 운영하고 있으며, 지정된 표본감시기관은 매주 인플루엔자 의사환자 수와 총 진료환자 수를 방역통합정보시스템(<https://eid.kdca.go.kr>) 또는 팩스 등을 통해 신고한다. 인플루엔자 의사환자 감시에 참여하는 의료기관 중 일부는 호흡기 병원체 감시체계에 참여하고 있다(보충 그림 1; available online).

인플루엔자 의사환자 감시결과는 인플루엔자 유행 기준 설정 및 유행여부 판단을 위한 지표로 활용되며, 병원체감시 결과는 해당 절기 유행하는 바이러스 유전형, 백신주와의 일치율 등을 확인하여 인플루엔자 대응을 위한 기초 자료로 활용된다[3,4].

인플루엔자 입원환자 감시는 2011년 300병상 이상 병원급 의료기관 87개소로 구축·운영이 시작된 급성호흡기감염증 표본감시체계를 통해 2015년부터 시작되었고, 2017년부터는 표본감시기관이 200병상 이상 병원급 의료기관 206개로 확대되었으며, 2023-2024년에는 총 220개 의료기관이 인플루엔자 입원환자 감시에 참여하였다.

인플루엔자 의사환자 및 병원체, 입원환자 등의 감시정보는 「감염병 표본감시 주간소식지」와 인플루엔자 감시정보 통합 온라인 현황판(FluON)을 통해 제공되고 있다[5].

이 글에서는 2023-2024절기(2023년 36주-2024년 35주) 및 2024-2025절기(2024년 36주-2025년 35주) 동안의 인플루엔자 표본감시 결과를 정리하였다.

방 법

2023-2024절기 및 2024-2025절기 감시기간인 2023년 36주부터 2025년 35주까지 인플루엔자 의사환자, 바이러스, 입원환자 표본감시 결과를 분석하였다.

인플루엔자 의사환자 감시에는 2023-2024절기에 내과, 소아청소년과, 가정의학과 의원급 의료기관 약 251개소가 참여하였으며, 2024-2025절기에는 이비인후과가 추가되고 감

시기관수가 확대되어 약 299개소가 참여하였다. 각 절기의 인플루엔자 의사환자 표본감시 수행률은 각각 평균 99.0%, 99.1%였다.

인플루엔자 의사환자는 38℃ 이상 갑작스러운 발열과 더불어 기침 또는 인후통을 보이는 경우로 정의하였으며, 의원급 표본감시 의료기관에서 신고한 주별 인플루엔자 의사환자수와 전체 진료환자수를 이용하여 외래환자 1천명 당 인플루엔자 의사환자 분율을 산출하였다.

인플루엔자 입원환자 감시에는 2023-2024절기와 2024-2025절기에 200병상 이상 병원급 의료기관 220개소가 참여하였으며, 인플루엔자 환자는 「감염병 신고를 위한 진단기준 고시」에 근거하여 인플루엔자의 임상증상과 부합하고 검체(구인두도말, 비인두도말, 비인두흡인물, 비강흡인물, 기관지폐포세척액, 가래)에서 특이유전자가 검출된 경우로 정의하였다[3,4].

인플루엔자 바이러스 감시결과는 매주 의원급 표본감시기관에서 의뢰된 검체의 검사건수 대비 인플루엔자 바이러스 검출률을 산출하였다.

결 과

1. 의원급 의료기관 인플루엔자 의사환자 감시

코로나바이러스감염증-19(코로나19) 유행 이후 방역이

완화되던 2022년 37주(9월 초)에 유행주의보 발령(2022-2023절기 유행기준 4.9명/외래환자 1천명 당) 후 여름철 유행이 지속되면서 2023-2024절기 시작부터 유행주의보가 해제없이 이어졌다. 2023-2024절기 인플루엔자 의사환자 분율은 2023년 37주(9월 중순)부터 점차 상승하기 시작하여 48주(11월 말) 이후 급격히 증가하였고 2023년 49주에는 61.3명으로 정점을 나타내면서 코로나19 이전의 유행 양상을 회복하는 경향을 나타냈다. 정점에 도달한 이후에는 봄철 소규모 유행 없이 발생이 서서히 감소하는 추세를 보이면서 2024-2025절기 유행기준(8.6명/1,000명)보다 3주 연속 낮게 발생하여 약 22개월 동안 이어졌던 인플루엔자 유행주의보를 2024년 7월에 해제하였다.

2024-2025절기 인플루엔자 의사환자 분율은 이전 절기인 2023-2024절기에 비하여 10-11월에 낮은 수준으로 발생하다가, 12월 초부터 급격하게 증가하기 시작하여 2025년 1주(1월 초) 99.8명으로 정점을 기록하였다. 이는 현재와 같은 수준의 표본감시체계가 구축된 2016년(2016년 52주 86.2) 이후 최고 수준이었다(그림 1).

연령별로 보면 두 개 절기 모두 7-18세 학령기 연령층에서 유행을 주도하였으며 2024-2025절기에는 개학 이후 학령기 연령층의 발생 증가로 인한 봄철 소규모 유행이 있었다(그림 2).

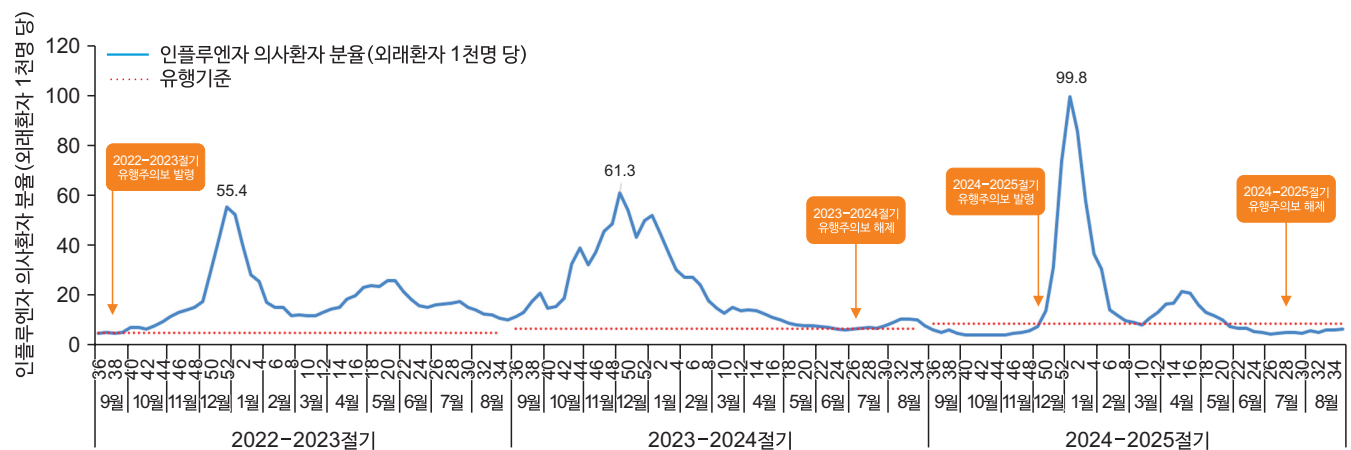


그림 1. 최근 3개절기 인플루엔자 의사환자 분율 및 유행주의보 발령 현황

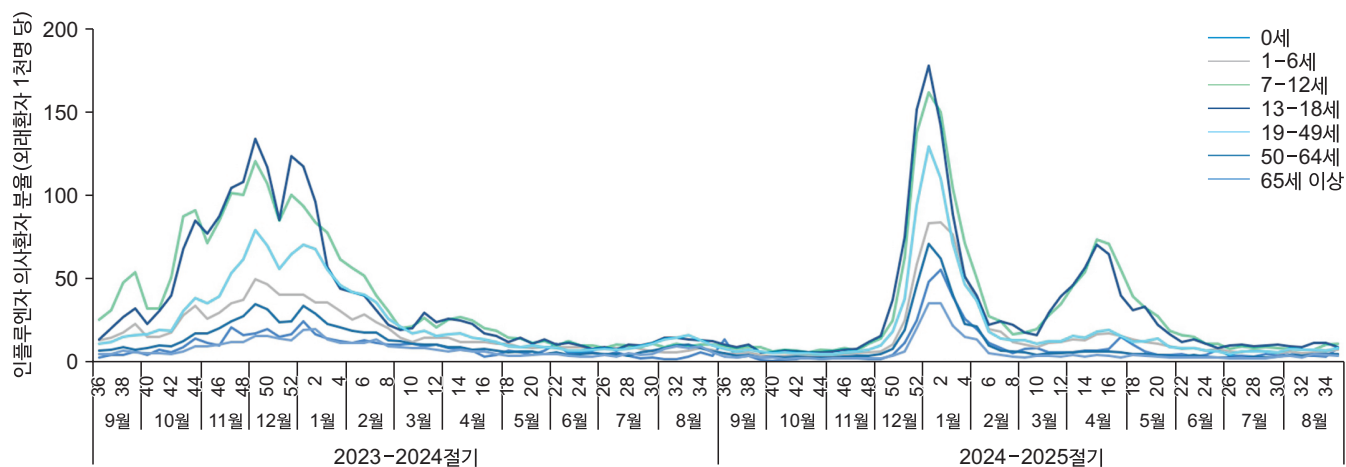


그림 2. 2023-2024 및 2024-2025절기 연령별 인플루엔자 의사환자 분율

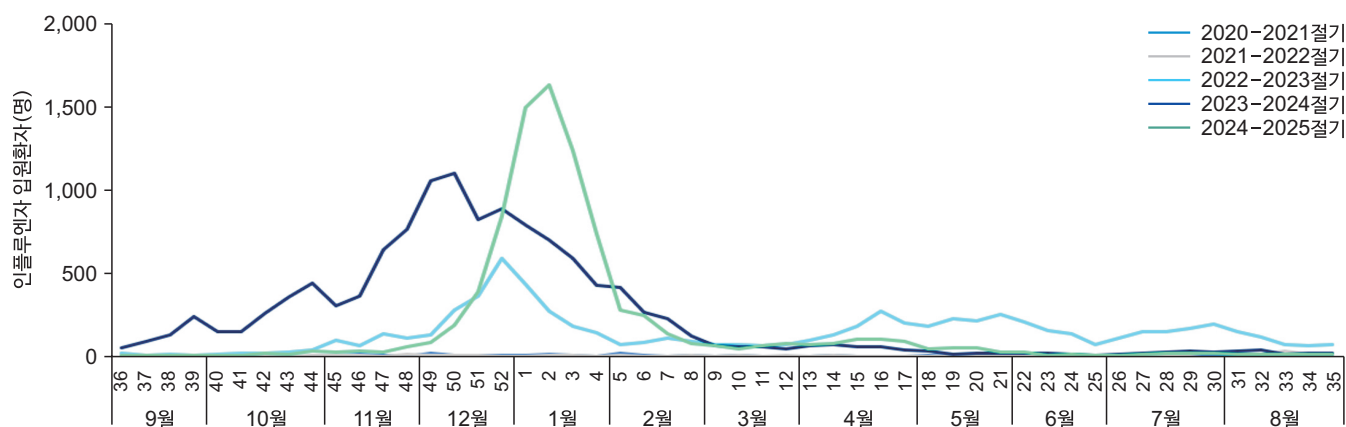


그림 3. 최근 5개절기 인플루엔자 입원환자

2. 병원급 의료기관 인플루엔자 입원환자 감시

2023-2024절기에 200명상 이상 병원급 의료기관(220개)을 통하여 수집한 인플루엔자 입원환자 수는 총 12,225명(기관당 약 55.6명)으로 지난 절기 총 7,755명(기관당 약 35.3명)보다 57.6% 증가하였고 2024-2025절기 인플루엔자 입원환자 수는 총 8,640명(기관당 약 39.1명)으로 지난 절기보다 총 12,225명(기관당 약 55.6명)보다 29.3% 감소하였다. 그러나 인플루엔자 입원환자 발생 정점은 2023-2024절기 1,101명(2023년 50주)에 비하여 2024-2025절기 1,632명(2025년 2주)으로 약 48.2% 더 높고 약 1달 정도 늦게 발생하였다(그림 3).

연령별로 보면 2023-2024절기에는 65세 이상(37.8%),

7-12세(14.2%), 50-64세(13.3%), 1-6세(13.2%), 19-49세(12.9%), 13-18세(6.6%), 0세(2.0%) 순으로 발생하였으며, 2024-2025절기에는 65세 이상(52.4%), 50-64세(15.3%), 7-12세(9.2%), 19-49세(9.1%), 1-6세(7.4%), 13-18세(4.2%), 0세(2.4%) 순으로 발생하였다. 두 절기 모두 고령층인 65세 이상에서 동일하게 가장 많이 발생하였으나 2023-2024절기 65세 이상이 37.8% (4,619명)인 것에 비해 2024-2025절기에는 65세 이상 연령층에서 52.4% (4,528명)로 65세 이상의 발생 비중이 보다 높아졌다(그림 4).

3. 인플루엔자 병원체 감시

2023-2024절기 인플루엔자 병원체 감시 결과, 2023

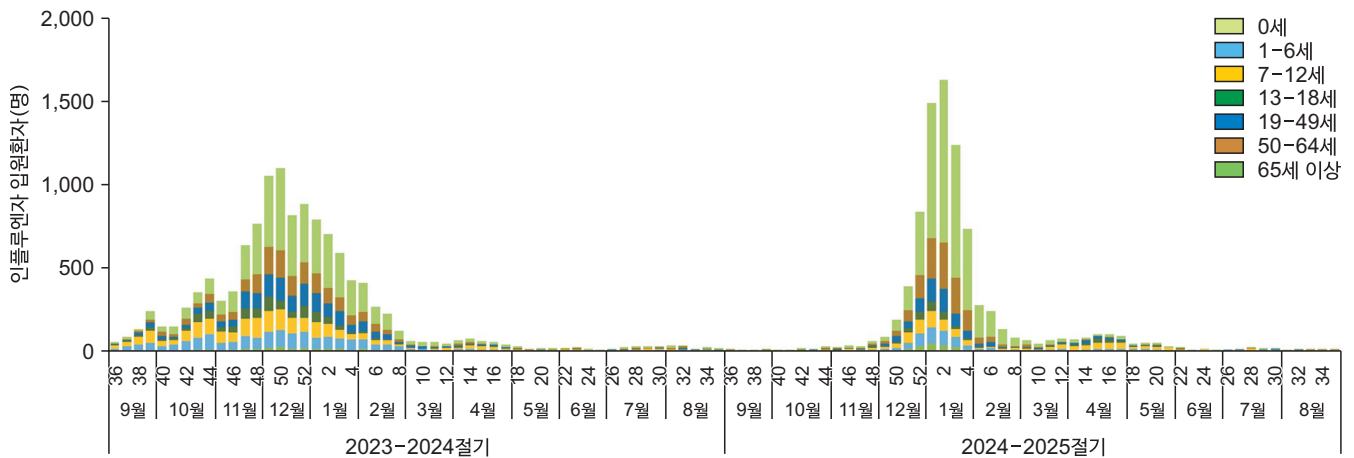


그림 4. 2023-2024 및 2024-2025절기 연령별 인플루엔자 입원환자

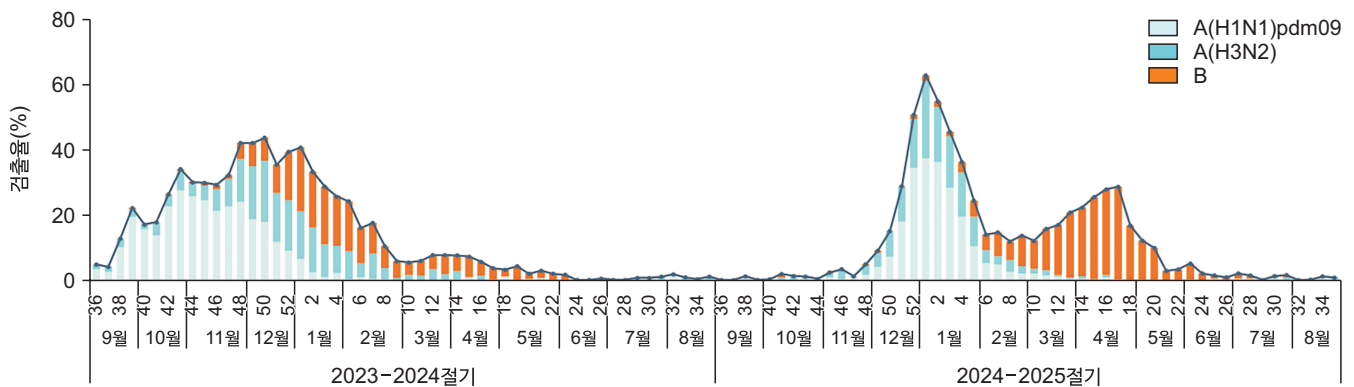


그림 5. 2023-2024절기 및 2024-2025절기 주차별 인플루엔자 바이러스 검출현황

년 50주에 검출률 43.8%로 정점을 나타냈다. 절기 초반에는 A(H1N1)형이 우세했으나 이후 A(H3N2)형과 B형이 증가하여 세 아형이 동시에 유행하였고, 특히 학령기 연령층(7-18세)을 중심으로 확산되었다(그림 5).

2024-2025절기 인플루엔자 바이러스 검출률은 이전 절기보다 다소 늦어지다가 2024년 12월 이후 검출률이 급증하며 이전 절기 검출 정점 대비 20-30% 높은 수준을 나타내었다. A형 중심의 2025년 1주에 정점을 보이며 1차 유행이 있었고 2025년 3월에 B형 중심의 2차 유행으로 두 번의 정점을 보였다. 1차 유행에서는 50세 이상 고령층에서 검출률이 증가하였고, 2차 유행에서는 학령기 연령층(7-18세)을 중심으로 B형이 전체 검출의 50% 이상을 차지하며 유행 기간도 이전보다 길었다(보충 그림 2; available online).

논 의

2023-2024절기와 2024-2025절기의 인플루엔자 표본 감시 결과를 종합하면 코로나19 대유행 시기에 억제되었던 호흡기 감염병 발생은 두 절기 동안 뚜렷한 유행 양상을 보였다. 2023-2024절기에는 지역사회 내 인플루엔자 발생이 코로나19 이전 수준으로 회복되면서 인플루엔자 의사환자 분율은 2023년 49주에 61.3명으로 정점을 기록하였고, 인플루엔자 입원환자 수도 전 절기 대비 57.6% 증가하였다. 이는 코로나19 유행기에 사회적 거리두기 등이 해제된 후 지역사회 내 호흡기 바이러스 순환이 재개되고, 인플루엔자에 대한 감수성 인구가 누적된 영향으로 추정된다.

2024-2025절기에는 현재와 유사한 수준의 표본감시체

계가 정착된 2016년 이후 가장 높은 인플루엔자 의사환자 분율을 99.8명(2025년 1주)을 기록하였다. 두 절기 모두 7-18세 학령기 연령층에서 가장 높은 인플루엔자 의사환자 발생을 보였고, 특히 개학 이후 학령층에서 소규모 유행이 반복되며 지역사회 내 유행을 주도하였다. 이는 A(H1N1)pdm09형과 A(H3N2)형이 우세하게 유행한 이후 B형이 증가하는 등 세 아형이 동시 유행한 점과 관련이 있는 것으로 보인다.

해당 절기 동안 WHO는 A(H1N1)형, A(H3N2)형, B형 인플루엔자에 대한 백신 바이러스주를 권고하였으며, 표본감시체계에서 분리된 주요 유행 바이러스들은 WHO가 권고한 A(H1N1)pdm09형, A(H3N2)형, B/Victoria 계통 유사주와 대체로 일치하는 항원적 특성을 보인다. 이러한 결과는 인플루엔자 유행 및 발생양상이 백신과 항원성이 불일치한 새로운 변이 바이러스의 출현에 기인하기보다는 기존 백신 권장주에 포함된 계통의 바이러스가 높은 수준으로 순환한 영향이 상대적으로 컸을 가능성을 시사한다. 특히 코로나19 대유행 기간 동안 자연 감염에 의한 면역 형성 기회가 감소하면서 면역 부채(immunity debt)가 누적되었고, 이로 인해 백신 접종 여부나 접종률과 관계없이 감수성 인구가 증가한 점이 유행 규모 확대에 복합적으로 작용했을 가능성이 있다.

한편, 2024-2025절기 인플루엔자 의사환자 분율이 2016년 이후로 가장 높게 나타났으나 인플루엔자 입원환자 수가 이전 절기 대비 낮게 나타난 것은 인플루엔자의 중증도의 변화로 해석하기보다는 인플루엔자 진단검사 기준에 대한 명확화를 통한 신고 정비로 인한 것으로 추정된다. 그간 인플루엔자 입원환자 감시체계에서 인플루엔자 입원환자 신고 시 유전자검출검사(polymerase chain reaction, PCR) 외 신속항원검사(rapid antigen tests) 등 타 검사법과 함께 신고받았다. 그러나 2024-2025절기부터 인플루엔자 관리지침을 통하여 「감염병 신고를 위한 진단기준 고시」에 근거한 인플루엔자 진단검사 기준인 PCR로 인플루엔자 입원환자 신고기준을 명확히 하고 표본감시기관에 안내하였고 이를 통해 타 검사법을

제외한 PCR을 통하여 확인된 입원환자 수를 신고하도록 정비함으로서 이전 절기 대비 인플루엔자 입원환자 수가 낮게 발생한 것처럼 보일 수 있으므로 해석에 주의가 필요하다.

병원체 감시에서 인플루엔자 A형이 두 절기 모두 주요 유행 바이러스로 확인되었으며 인플루엔자와 유사하게 호흡기 세포융합바이러스(respiratory syncytial virus) 등 다른 호흡기 바이러스의 계절성 또한 코로나19 대유행 이전 패턴과 유사하게 회복되는 양상이 나타났다. 이러한 변화는 코로나19 유행 이후 비약물적 중재 완화 후 호흡기바이러스 유행 양상 변화와 면역 부채의 영향이 지속되고 있음을 추정할 수 있다.

또한 최근 절기에서는 과거와 달리 인플루엔자 유행 정점이 예년보다 앞당겨지거나, 늦봄까지 유행이 지속되는 현상이 관찰되고 있다. 이러한 유행 시기의 변화는 기존의 예방접종 전략과 감시 운영 방식에 대한 재검토 필요성을 제기한다. 특히 접종 효과가 충분히 유지될 수 있도록 예방접종 시기 조정 또는 고위험군을 대상으로 한 추가 접종 전략 등에 대한 논의와 검토가 필요하다.

본 원고는 표본감시체계를 통하여 신고된 데이터를 기반으로 분석한 결과로서, 국내 전체 인플루엔자 발생 수준을 직접적으로 반영하는 데에는 한계가 있으며, 일부 의료기관의 신고 누락 가능성, 신고 기준의 명확화 등으로 인한 대표성 및 정확도 차이 등을 고려하여 해석할 필요가 있다. 그럼에도 불구하고 2023-2024절기와 2024-2025절기 인플루엔자 표본감시결과는 코로나19 이후 국내 인플루엔자의 유행 특성을 이해하고 향후 대응전략 수립에 중요한 근거를 제공하는 자료이다.

인플루엔자는 코로나19 이전의 발생을 상회하는 수준으로 회복되고 있으며 코로나19 이전과는 다른 양상으로 발생하고 있어, 더욱 안정적이고 체계적인 인플루엔자 표본감시체계 운영의 중요성이 커지고 있다.

이를 위해 질병관리청은 인플루엔자 지역별 표본감시의 대표성을 향상하고 신변종 호흡기 바이러스 등 감시 체계 강

화를 위하여 의원급 인플루엔자 표본감시 기관 수를 확대할 예정이다. 또한 표본감시 주간소식지 개편 및 인플루엔자 반응형 대시보드인 플루온(FluON)을 개발하여 의료계 및 국민에게 인플루엔자 감시정보를 신속하고 투명하게 제공함으로써 국가 인플루엔자 대응 및 관리 역량을 지속적으로 강화해 나갈 것이다.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: YKK, JSS, DKK, HML. Data curation: JAK. Formal analysis: JAK. Writing – original draft: JAK. Writing – review & editing: YKK, JSS, DKK, HML.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

1. World Health Organization (WHO). Influenza (seasonal) [Internet]. WHO; 2025 [cited 2025 Dec 17]. Available

from: [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

2. Ministry of Government Legislation. The infectious disease prevention and control act [Internet]. Ministry of Government Legislation; 2025 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://www.law.go.kr/%EB%B2%95%EB%A0%B9/%EA%B0%90%EC%97%BC%EB%B3%91%EC%9D%98%EC%98%88%EB%B0%A9%EB%B0%8F%EA%B4%80%EB%A6%AC%EC%97%90%EA%B4%80%ED%95%9C%EB%B2%95%EB%A5%A0>
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2023–2024–season influenza management guideline [Internet]. KDCA; 2024 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://kdca.go.kr/kdca/2861/subview.do?enc=Zm5jdDF8QEB8JTJGYmJzJTJGa2RjYSUyRjU1JTJGM-jI4MTc2JTJGYXJ0Y2xWaWV3LmRvJTNGcGFzc3dvc-mQlM0QlMjZyZ3NCZ25kZVN0ciUzRCUyNmZpbm-RPcG53cmQlM0QlMjZmaW5kV29yZCUzRCVFQyU5R-CVCOCVFRCU5NCU4QyVFQjVBMjVBOCVFQyU5NyU5NCVFQyU5RSU5MCUyNnJnc0VuZGRlU3RyJTNE-JTI2ZmluZFR5cGUlM0RzaiUyNmZpbmRDbFnlcSUzR-CUyNnBhZ2UIM0QyJTl2>
4. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2024–2025–season influenza management guideline [Internet]. KDCA; 2024 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://kdca.go.kr/kdca/2861/subview.do?enc=Zm5jdDF8QEB8JTJGYmJzJTJGa2RjYSUyRjU1JTJGM-jI4MjUxJTJGYXJ0Y2xWaWV3LmRvJTNGcGFzc3dvc-mQlM0QlMjZyZ3NCZ25kZVN0ciUzRCUyNmZpbm-RPcG53cmQlM0QlMjZmaW5kV29yZCUzRCVFQyU5R-CVCOCVFRCU5NCU4QyVFQjVBMjVBOCVFQyU5NyU5NCVFQyU5RSU5MCUyNnJnc0VuZGRlU3RyJTNE-JTI2ZmluZFR5cGUlM0RzaiUyNmZpbmRDbFnlcSUzR-CUyNnBhZ2UIM0QxJTl2>
5. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Korea influenza weekly report, K-SENS [Internet]. KDCA; Year [cited 2025 Dec 17]. Available from: https://dportal.kdca.go.kr/pot/bbs/BD_selectBbs.do?q_bbsSn=1010&q_bbsDocNo=20250904141115568&q_clsfnNo=2

Surveillance Report

Influenza Sentinel Surveillance in the Post-coronavirus Disease 2019 Period

Jia Kim , Yun Kyoung Kim , Jeongsuk Song , Dongkeun Kim , Hyungmin Lee* 

Division of Infectious Control, Department of Infectious Disease Policy, Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: To describe influenza activity in the Republic of Korea during the 2023–2024 and 2024–2025 seasons following the coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic, using sentinel surveillance data, and to compare season-specific epidemiological patterns.

Methods: Sentinel surveillance data on patients with influenza-like illness (ILI), those hospitalized for influenza, and influenza virological findings reported to the Korea Disease Control and Prevention Agency from week 36 of 2023 to week 35 of 2025 were analyzed.

Results: In the 2023–2024 season, influenza activity returned to pre-COVID-19 levels, with ILI peaking in week 49 of 2023 and increased hospitalizations compared with the previous season. In the 2024–2025 season, ILI reached its highest level since 2016, when a comparable surveillance system was established. In both seasons, school-aged children and adolescents (7–18 years) were the main drivers of influenza transmission, whereas hospitalizations were most common among adults aged ≥ 65 years. Virological surveillance confirmed the circulation of both influenza A and B viruses.

Conclusions: Post-COVID-19 influenza patterns differed from those previously observed, likely reflecting the continued effects of immunity debt. These findings support strengthening sentinel surveillance, expanding outpatient sites to improve regional representativeness, and providing timely influenza surveillance updates to healthcare professionals and the public through weekly reports and the FluON dashboard.

Key words: Influenza; Influenza-like illness (ILI); Influenza sentinel surveillance

*Corresponding author: Hyungmin Lee, Tel: +82-43-719-7140, E-mail: sea2sky@korea.kr

Introduction

Influenza is an acute respiratory disease caused by the influenza virus and is commonly known as the flu. It is an infectious disease estimated to infect approximately 1 billion people worldwide each year, of whom 3–5 million develop severe

illness and 290,000–650,000 die [1]. The World Health Organization (WHO) recommends that each country operate a systematic and continuous influenza surveillance system. In the Republic of Korea (ROK), influenza has been designated as a Class 4 notifiable infectious disease under the “Infectious Disease Prevention and Control Act (hereafter, the Infectious

Key messages

① What is known previously?

In the Republic of Korea, influenza typically occurs during the winter season (November–April), peaking between December and January, and is monitored through a national sentinel surveillance system, such as clinical, hospitalized patient, and pathogen surveillance.

② What new information is presented?

Influenza-like illness activity recovered to pre-coronavirus disease 2019 (COVID-19) levels in the 2023–2024 season and reached its highest rate since 2016 in the 2024–2025 season. Cases increased across all age groups, with the greatest burden among children aged 7–18 years.

③ What are implications?

The post-COVID-19 resurgence, largely driven by influenza A viruses, indicates altered transmission patterns likely associated with immunity debt, underscoring the need for sustained and systematic influenza surveillance.

Disease Control Act),” and a sentinel surveillance system is currently in operation [2].

In 1997, the ROK initiated a pilot sentinel surveillance system involving approximately 70 private medical institutions nationwide. In September 2000, a national surveillance system for “influenza-like illness (ILI)” was established, involving primary care clinics. During the 2009 influenza A(H1N1) pandemic, the number of sentinel surveillance sites was expanded to 814, approximately one site per 50,000 population. For more efficient operation of the surveillance system, the number of sites was reduced to 200 in 2013. As the operational capacity of the surveillance system improved, the number of sites was further expanded to 300 in 2024.

Sentinel surveillance sites for ILI consist of primary care

clinics in pediatrics, internal medicine, family medicine, and otorhinolaryngology. The surveillance system is operated by defining one influenza season from week 36 of each year to week 35 of the following year. Designated sentinel surveillance sites report the weekly number of ILI cases and the total number of outpatient visits through the Integrated Disease and Health Control System (<https://eid.kdca.go.kr>) or by fax. Among the clinics participating in ILI surveillance, some also participate in respiratory pathogen surveillance (Supplementary Figure 1; available online).

The results of ILI surveillance are used as indicators for establishing epidemic thresholds and determining the occurrence of influenza epidemics. The results of pathogen surveillance provide foundational data for influenza response by identifying circulating viral genotypes during each season and assessing their match with vaccine strains [3,4].

Influenza hospitalization surveillance began in 2015 through the Acute Respiratory Infection Sentinel Surveillance System, which was initially established in 2011 with 87 hospitals (≥ 300 beds). Beginning in 2017, sentinel surveillance sites were expanded to 206 hospitals with ≥ 200 beds. During the 2023–2024 season, a total of 220 hospitals participated in influenza hospitalization surveillance.

Surveillance data on ILI, pathogens, and hospitalized influenza cases are disseminated through the “Infectious Disease Sentinel Surveillance Weekly Report” and the integrated online influenza surveillance dashboard (FluON) [5].

This article summarizes the results of influenza sentinel surveillance during the 2023–2024 (week 36 of 2023 to week 35 of 2024) and 2024–2025 seasons (week 36 of 2024 to week 35 of 2025).

Methods

We analyzed the results of sentinel surveillance for ILI, influenza viruses, and hospitalized influenza cases during the 2023–2024 and 2024–2025 seasons, from week 36 of 2023 through week 35 of 2025.

For ILI surveillance, approximately 251 primary care clinics in internal medicine, pediatrics, and family medicine participated during the 2023–2024 season. In the 2024–2025 season, otorhinolaryngology clinics were added, and, following the expansion of surveillance sites, approximately 299 clinics participated. The mean performance rates of ILI sentinel surveillance were 99.0% and 99.1% for the 2023–2024 and 2024–2025 seasons, respectively.

ILI was defined as a sudden onset of fever $\geq 38^{\circ}\text{C}$ accompanied by cough or sore throat. Using the weekly number of ILI cases and the total number of outpatient visits reported by sentinel primary care clinics, the proportion of ILI cases per 1,000 outpatients was calculated.

For influenza hospitalization surveillance, 220 hospitals with ≥ 200 beds participated during the 2023–2024 and 2024–2025 seasons. An influenza case was defined, in accordance with the “Notification on Diagnostic Criteria for Reporting Infectious Diseases,” as a patient with clinical symptoms consistent with influenza and detection of influenza-specific genes in clinical specimens (oropharyngeal swab, nasopharyngeal swab, nasopharyngeal aspirate, nasal aspirate, bronchoalveolar lavage fluid, or sputum) [3,4].

Influenza virus surveillance results were calculated as the influenza virus detection rate based on the number of tests performed on the specimens requested weekly by sentinel primary care clinics.

Results

1. Influenza-like Illness Surveillance at Primary Care Clinics

As coronavirus disease 2019 (COVID-19) control measures were being eased, an influenza epidemic advisory was issued in week 37 of 2022 (early September; 2022–2023 season epidemic threshold: 4.9 cases per 1,000 outpatients). As summer transmission continued, the advisory remained in effect without being lifted from the start of the 2023–2024 season. During the 2023–2024 season, the proportion of ILI began to gradually increase from week 37 of 2023 (mid-September) and rose sharply after week 48 (late November), reaching a peak of 61.3 cases per 1,000 outpatients in week 49 of 2023, thereby showing a return to the pre-COVID-19 epidemic pattern. After reaching the peak, ILI activity showed a gradual declining trend without a secondary spring outbreak and remained below the 2024–2025 seasonal epidemic threshold (8.6 cases per 1,000 outpatients) for three consecutive weeks, leading to the lifting of the influenza epidemic advisory in July 2024, which had been maintained for approximately 22 months.

During the 2024–2025 season, the proportion of ILI was lower in October and November compared with the 2023–2024 season, but began to increase sharply in early December, reaching a peak of 99.8 cases per 1,000 outpatients in week 1 of 2025 (early January). This level was the highest observed since 2016, when a sentinel surveillance system at the current level was established (week 52 of 2016: 86.2) (Figure 1).

By age group, the 7–18-year age group led the epidemic in both seasons. In the 2024–2025 season, a minor spring outbreak occurred following the start of the school term, driven by increased incidence in the school-aged group (Figure 2).

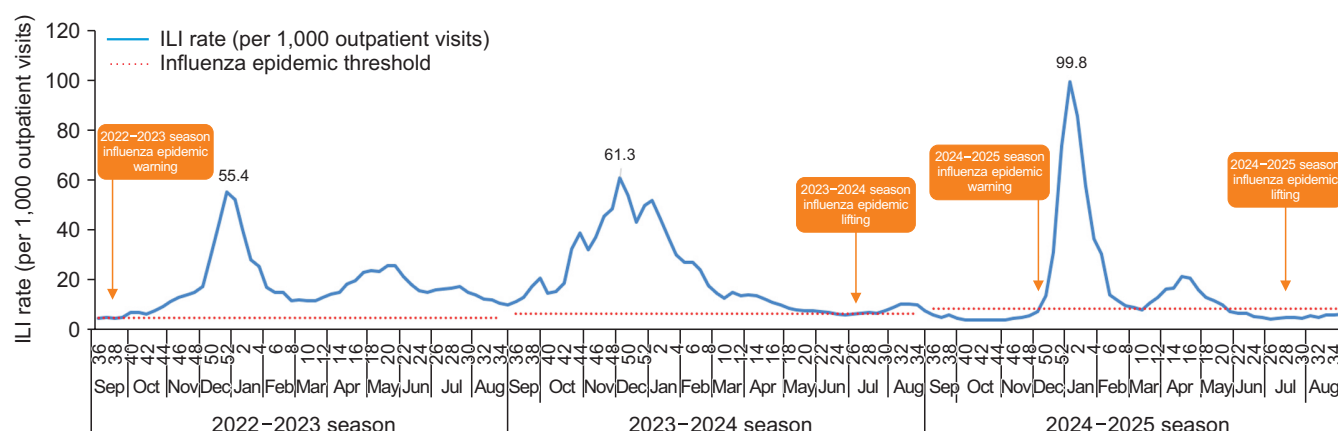


Figure 1. Influenza-like illness (ILI) rates and warning of influenza over 2022–2023 to 2024–2025 season

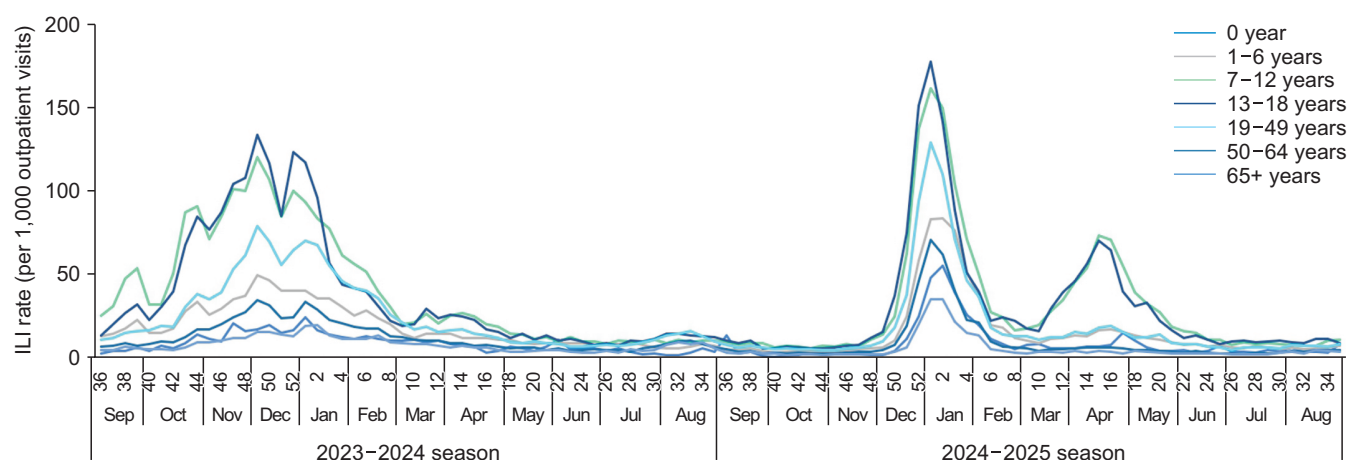


Figure 2. Age-specific influenza-like illness (ILI) rates during the 2023–2024 and 2024–2025 seasons

2. Influenza Hospitalization Surveillance in Hospitals

In the 2023–2024 season, a total of 12,225 hospitalized influenza cases (approximately 55.6 cases per institution) were reported from 220 hospitals with ≥ 200 beds, representing a 57.6% increase compared with 7,755 cases (approximately 35.3 cases per institution) in the previous season. In the 2024–2025 season, a total of 8,640 hospitalized influenza cases (approximately 39.1 cases per institution) were reported, representing a 29.3% decrease compared with 12,225 cases (approximately 55.6 cases per institution) in the previous season. However, the peak number of hospitalized influenza cases was

1,632 (week 2 of 2025) during the 2024–2025 season, which was approximately 48.2% higher and occurred about one month later than the peak of 1,101 cases (week 50 of 2023) during the 2023–2024 season (Figure 3).

By age group, cases in the 2023–2024 season occurred in the following order: ≥ 65 years (37.8%), 7–12 years (14.2%), 50–64 years (13.3%), 1–6 years (13.2%), 19–49 years (12.9%), 13–18 years (6.6%), and 0 years (2.0%). In the 2024–2025 season, cases occurred in the following order: ≥ 65 years (52.4%), 50–64 years (15.3%), 7–12 years (9.2%), 19–49 years (9.1%), 1–6 years (7.4%), 13–18 years (4.2%), and 0 years (2.4%). In both seasons, individuals aged ≥ 65 years

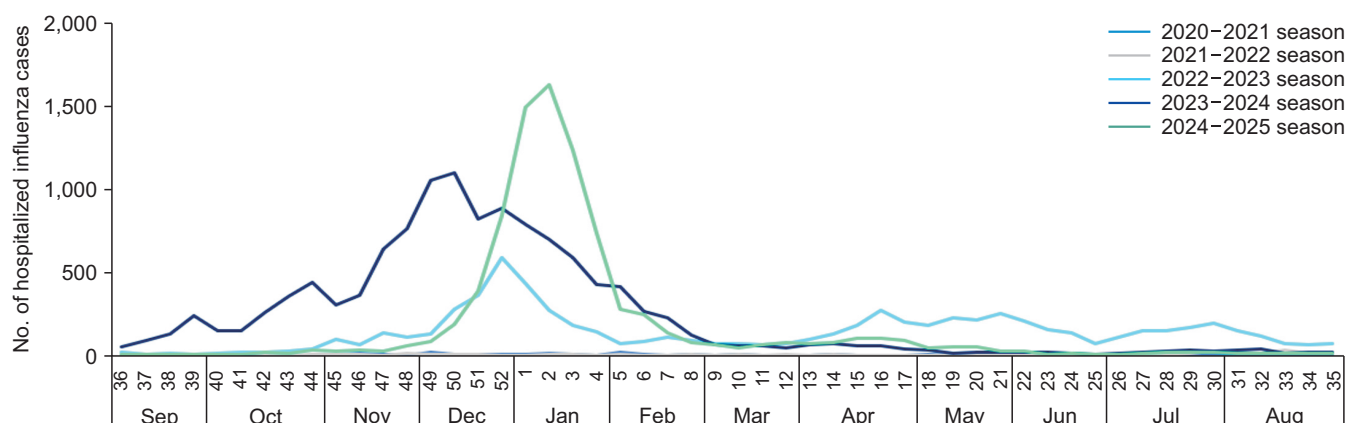


Figure 3. Hospitalized influenza cases over the most recent five seasons

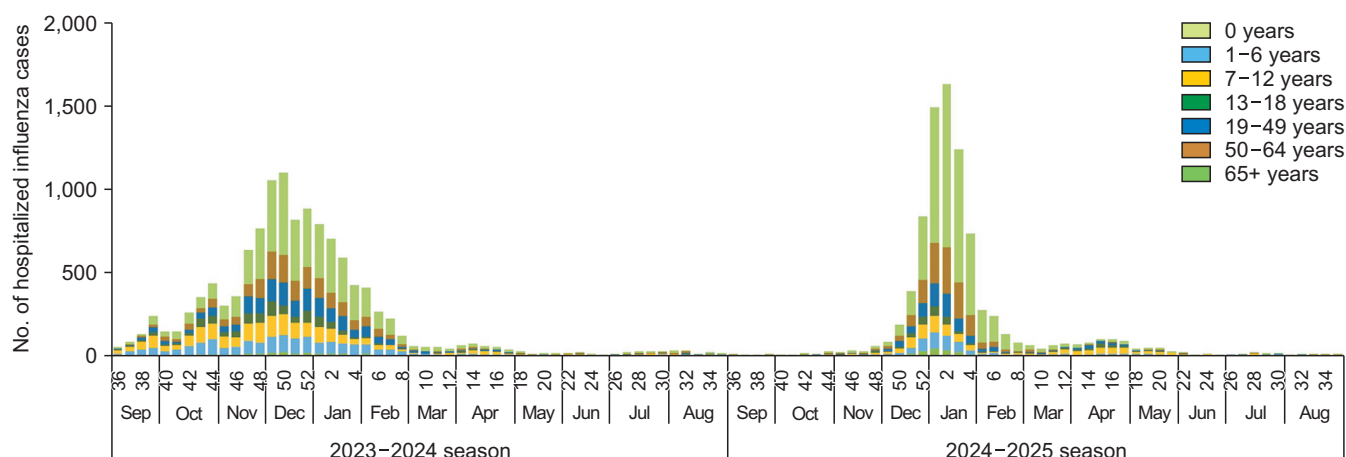


Figure 4. Age-specific hospitalized influenza cases during the 2023-2024 and 2024-2025 seasons

accounted for the highest number of influenza cases. In the 2023-2024 season, those aged ≥ 65 years accounted for 37.8% of all cases ($n=4,619$), whereas this proportion increased to 52.4% ($n=4,528$) in the 2024-2025 season, indicating a higher proportion of cases among individuals aged ≥ 65 years (Figure 4).

3. Pathogen Surveillance

During the 2023-2024 season, pathogen surveillance showed a peak detection rate of 43.8% in week 50 of 2023. A(H1N1) predominated early in the season, followed by increases in A(H3N2) and B viruses, resulting in the

co-circulation of three subtypes, with transmission particularly concentrated in the school-aged group (7-18 years) (Figure 5).

In the 2024-2025 season, the influenza virus detection rate was delayed compared with the previous season, but rose sharply after December 2024, reaching levels 20-30% higher than the previous season's peak detection rate. There was a first outbreak centered on influenza A viruses, which peaked in week 1 of 2025, and a second outbreak centered on influenza B viruses in March 2025, resulting in two peaks. During the first wave, detection rates increased among older adults aged ≥ 50 years. During the second wave, influenza B accounted for more than 50% of total detections, with the outbreak centered

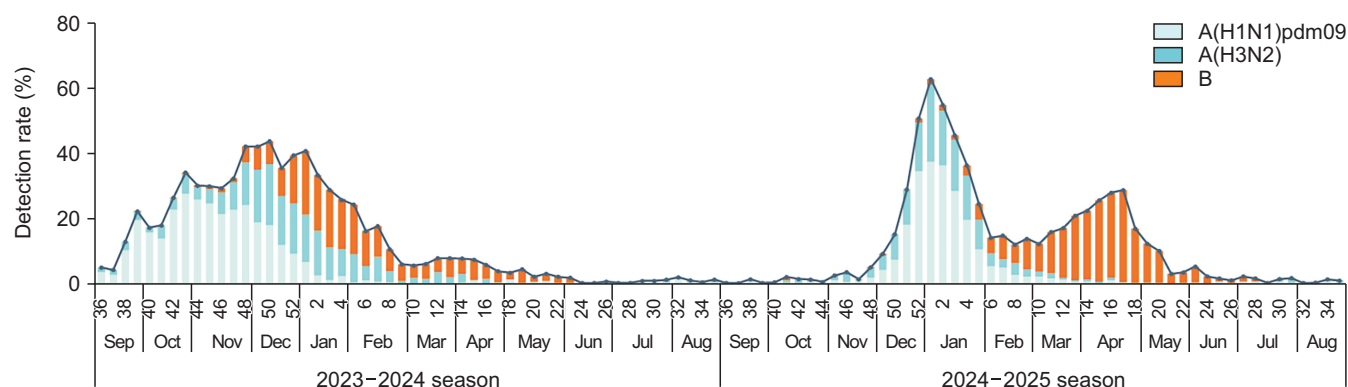


Figure 5. Detection rate of influenza viruses during the 2023–2024 and 2024–2025 seasons

on the school-aged group (7–18 years), and the duration was longer than the first wave (Supplementary Figure 2; available online).

Discussion

Taken together, the influenza sentinel surveillance results from the 2023–2024 and 2024–2025 seasons indicate that the occurrence of respiratory infectious diseases, which had been suppressed during the COVID-19 pandemic, showed clear epidemic patterns over the two seasons. During the 2023–2024 season, as influenza activity in the community returned to pre-COVID-19 levels, the proportion of ILI reached a peak of 61.3 in week 49 of 2023, and the number of hospitalized influenza cases increased by 57.6% compared with the previous season. This finding might be attributed to the resumption of respiratory virus circulation in the community after social distancing and other measures implemented during the COVID-19 pandemic were lifted, together with the accumulation of a population susceptible to influenza.

During the 2024–2025 season, the proportion of ILI reached 99.8 cases per 1,000 outpatients (week 1 of 2025), the highest level observed since 2016, when a sentinel surveillance

system at a level comparable to the current one became established. In both seasons, the highest incidence of ILI was observed in the 7–18-year group. Particularly after the start of the school term, repeated minor outbreaks in this group led to the epidemic in the community. This finding appears to be related to the co-circulation of three subtypes, with A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) predominating initially, followed by an increase in influenza B viruses.

During the relevant seasons, the WHO recommended vaccine virus strains targeting influenza A(H1N1), A(H3N2), and B. The major circulating viruses isolated through the sentinel surveillance system generally showed antigenic characteristics consistent with the WHO-recommended A(H1N1)pdm09, A(H3N2), and B/Victoria lineage-like strains. These findings suggest that the influenza epidemic and occurrence patterns were more likely influenced by high-level circulation of virus lineages included in the recommended vaccine strains, rather than by the emergence of novel variant viruses with antigenic mismatch to the vaccine. In particular, reduced opportunities for immunity acquisition through natural infection during the COVID-19 pandemic led to the accumulation of immunity debt, and this increase in the susceptible population, regardless of vaccination status or coverage, may have acted in

combination to expand the scale of the epidemics.

Meanwhile, although the proportion of ILI during the 2024–2025 season was the highest observed since 2016, the number of hospitalized influenza cases was lower than in the previous season. This finding might be attributed to improvements in reporting practices following the clarification of diagnostic testing criteria for influenza rather than being interpreted as a change in influenza severity. Previously, through the influenza hospitalization surveillance system, hospitalized influenza cases were reported based not only on polymerase chain reaction (PCR) testing but also on other diagnostic methods such as rapid antigen tests. However, beginning in the 2024–2025 season, the influenza management guidelines clarified the reporting criteria for hospitalized influenza cases by PCR testing as the diagnostic testing standard for influenza under the “Notification on Diagnostic Criteria for Reporting Infectious Diseases,” and sentinel surveillance sites were notified accordingly. As a result, the reporting system was reorganized to require that only hospitalized cases confirmed by PCR, excluding other diagnostic methods, be reported. Consequently, the number of hospitalized influenza cases may appear lower than in the previous season, and caution is needed when interpreting these findings.

Pathogen surveillance identified influenza A viruses as the predominant epidemic viruses in both seasons. In addition, similar to influenza, the seasonality of other respiratory viruses, such as respiratory syncytial virus, showed a recovery pattern resembling that observed prior to the COVID-19 pandemic. These findings suggest that changes in respiratory virus epidemic patterns following the relaxation of non-pharmaceutical interventions after the COVID-19 pandemic, together with the effects of immunity debt, may continue.

Furthermore, in recent seasons, influenza epidemic peaks have occurred earlier than in previous years or have persisted into late spring, unlike in the past. These changes in the timing of influenza epidemics raise the need to re-evaluate existing vaccination strategies and surveillance operations. In particular, discussion and review are needed regarding the adjustment of vaccination timing or additional vaccination strategies for high-risk groups to ensure that the effectiveness of the vaccine is sufficiently maintained.

This report is based on data reported through the sentinel surveillance system and, therefore, has limitations in directly reflecting the overall level of influenza occurrence nationwide. Interpretation should take into account potential underreporting by some medical institutions and differences in representativeness and accuracy resulting from the clarification of reporting criteria. Nevertheless, the influenza sentinel surveillance results from the 2023–2024 and 2024–2025 seasons provide important evidence for understanding the epidemiological characteristics of influenza in the ROK after the COVID-19 pandemic and for establishing future response strategies.

Influenza has recovered to levels exceeding the pre-COVID-19 incidence and is occurring in patterns different from those observed prior to the pandemic, increasing the importance of operating a more stable and systematic influenza sentinel surveillance system.

To this end, the Korea Disease Control and Prevention Agency plans to expand the number of primary care influenza sentinel surveillance sites to enhance the regional representativeness of influenza sentinel surveillance and to strengthen surveillance systems for emerging and novel respiratory viruses. In addition, by reorganizing the Sentinel Surveillance Weekly Report and developing FluON, a responsive influenza

surveillance dashboard, influenza surveillance information will be provided rapidly and transparently to healthcare professionals and the public, thereby continuously strengthening national capacity for influenza response and management.

Declarations

Ethics Statement: Not applicable.

Funding Source: None.

Acknowledgments: None.

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

Author Contributions: Conceptualization: YKK, JSS, DKK, HML. Data curation: JAK. Formal analysis: JAK. Writing – original draft: JAK. Writing – review & editing: YKK, JSS, DKK, HML.

Supplementary Materials

Supplementary data are available online.

References

1. World Health Organization (WHO). Influenza (seasonal) [Internet]. WHO; 2025 [cited 2025 Dec 17]. Available from: [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))
2. Ministry of Government Legislation. The infectious disease prevention and control act [Internet]. Ministry of Government Legislation; 2025 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://www.law.go.kr/%EB%B2%95%EB%A0%B9/%EA%B0%90%EC%97%BC%EB%B3%91%EC%9D%98%EC%98%88%EB%B0%A9%EB%B0%8F%EA%B4%80%EB%A6%AC%EC%97%90%EA%B4%80%ED%95%9C%EB%B2%95%EB%A5%A0>
3. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2023–2024–season influenza management guideline [Internet]. KDCA; 2024 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://kdca.go.kr/kdca/2861/subview.do?enc=Zm5jdDF8QEB8JTJGYmJzJTJGa2RjYSUyRjU1JTJGM-jl4MTc2JTJGYXJ0Y2xWaWV3LmRvJTNGcGFzc3dvc-mQlM0QlMjZyZ3NCZ25kZVN0ciUzRCUyNmZpbm-RPcG53cmQlM0QlMjZmaW5kV29yZCUzRCVFQyU5R-CVCOCVFRCU5NCU4QyVFQyVBMyVBOCVFQyU5NyU5NCVFQyU5RSU5MCUyNnJnc0VuZGRlU3RyJTNE-JTI2ZmluZFR5cGUlM0RzaiUyNmZpbmRDbFNlcSUzRCUyNnBhZ2U1M0QyJTl2>
4. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). 2024–2025–season influenza management guideline [Internet]. KDCA; 2024 [cited 2025 Dec 17]. Available from: <https://kdca.go.kr/kdca/2861/subview.do?enc=Zm5jdDF8QEB8JTJGYmJzJTJGa2RjYSUyRjU1JTJGM-jl4MjUxJTJGYXJ0Y2xWaWV3LmRvJTNGcGFzc3dvc-mQlM0QlMjZyZ3NCZ25kZVN0ciUzRCUyNmZpbmRPcG53cmQlM0QlMjZmaW5kV29yZCUzRCVFQyU5RCV-COCVFRCU5NCU4QyVFQyVBMyVBOCVFQyU5NyU5NCVFQyU5RSU5MCUyNnJnc0VuZGRlU3RyJTNE-JTI2ZmluZFR5cGUlM0RzaiUyNmZpbmRDbFNlcSUzRCUyNnBhZ2U1M0QxJTl2>
5. Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA). Korea influenza weekly report, K-SENS [Internet]. KDCA; Year [cited 2025 Dec 17]. Available from: https://dportal.kdca.go.kr/pot/bbs/BD_selectBbs.do?q_bbsSn=1010&q_bbsDocNo=20250904141115568&q_clsfnNo=2

마크로라이드계 항생제 내성 및 Multilocus Sequence Typing 유전형 분석에 따른 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균 현황, 2023-2024년

김환희 , 이진 , 고서연 , 박정선 , 김동혁 , 유재일*

질병관리청 감염병진단분석국 세균분석과

초 록

목적: 마이코플라스마 폐렴균은 상·하기도 감염증을 일으키는 병원체로 지역사회획득 폐렴의 약 20-40%를 차지한다. 특히 소아청소년 기에서 발생률이 높고 3-4년 주기의 유행 특성을 가진다. 본 연구는 2023-2024년 국내 유행 시기 동안 분리된 마이코플라스마 폐렴균의 마크로라이드 내성 변이와 multilocus sequence typing (MLST) 유형을 분석하여 국내 유행 균주의 분자유전학적 특성을 파악하고자 하였다.

방법: 2023년 1월부터 2024년 12월까지 호흡기세균 감염증 병원체 감시사업(Acute Respiratory Infection Network)을 통해 수집된 총 1,294건의 호흡기 검체 중, 중합효소연쇄반응 검사로 확인된 마이코플라스마 폐렴균 양성 검체를 대상으로 23S rRNA 도메인 V 영역의 마크로라이드 내성 유전자 변이(A2063G/A2064G)를 분석하였다. 또한, 배양으로 확보된 217개 분리주에 대해서는 내성 유전자 변이와 MLST 유형 분석을 추가로 수행하였다.

결과: 전체 검체 중 431건(33.3%)이 마이코플라스마 폐렴균 유전자 양성으로 확인되었고, 217개(16.8%) 균주가 배양으로 분리되었다. 마이코플라스마 폐렴균 양성 검체 81.4% (351건), 분리주 89.4% (194건)에서 A2063G 변이가 확인되었다. MLST 분석 결과 ST3 (89.9%)가 가장 우세하였으며, ST7 (6.5%), ST14 (1.8%), ST17 (1.8%) 순이었다. 내성 여부에 따라 sequence type (ST) 분포 차이가 관찰되었으며, 내성 균주는 ST3 (97.4%), 감수성 균주는 ST7 (52.2%)이 우세하였다.

결론: 2023-2024년 국내 분리 마이코플라스마 폐렴균은 높은 마크로라이드 내성률(89.4%)을 보였으며, ST3형이 주요 유전형으로 확인되었다. 내성 균주와 감수성 균주의 ST 유형이 상이하게 분포하는 것으로 나타났으며, 향후 주기적 유행에 대비한 지속적 분자역학 감시가 필요하다.

주요 검색어: 마이코플라스마 폐렴균; 다좌위 염기서열 분석; 유전형; 마크로라이드; 항생제내성 유전자변이

Received November 24, 2025 Revised January 29, 2026 Accepted January 30, 2026

*Corresponding author: 유재일, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@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?

마이코플라스마 폐렴균은 상·하기도 감염을 유발하는 지역 사회획득 폐렴의 주요 원인균으로 학동기 아동과 청소년에서 주기적으로 유행하며 마크로라이드계 항생제 내성균 증가가 보고되고 있다.

② 새로이 알게 된 내용은?

2023-2024년 수집된 검체 1,294건 중 431건이 양성이고 내성률은 81.4%였다. 분리된 217주의 내성률은 89.4%로 확인되었으며 ST3 (89.9%)가 주요 유형이었다.

③ 시사점은?

국내에서 분리된 마이코플라스마 폐렴균의 높은 마크로라이드 내성률과 특정 multilocus sequence typing 유형(ST3)의 우세는 지속적인 감시체계 운영과 분자유전학적 분석의 필요성을 시사한다.

서론

마이코플라스마 폐렴균(*Mycoplasma pneumoniae*)은 밀접 접촉 시, 비말감염에 의해 지역사회 내로 전파하는 비정형폐렴의 흔한 원인균이다. 발열, 인후통, 기침 등의 증상을 보이며 상기도 감염부터 폐렴까지 다양한 임상 양상을 보이고, 일부에서는 중증 비정형 폐렴으로 진행할 수 있다. 모든 연령층에서 발생이 가능하나 특히 3-15세 학동기 아동과 청소년에서 발생률이 높으며, 보육시설이나 학교 등 밀집된 환경에서 집단발생 위험이 높다.

전 세계적으로 3-4년 주기의 유행 특성을 보이는 것으로 알려져 있으며[1,2], 국내 표본 감시 결과에서도 이러한 주기성이 확인되고 있다. 실제로 2011년, 2015년, 2019년에 대규모 유행이 보고되어 연간 10,000건 이상이 신고된 바 있다. 코로나바이러스감염증-19 유행 시기에는 연간 발생 건수가 약 1,000건 이하로 감소하였으나, 2023년 가을 이후 환자 발생이 다시 급증하여 2024년 한 해 동안 총 27,285건이 신고

되었으며, 이에 따라 2024년 6월 24일 마이코플라스마 폐렴균 감염증 유행 주의보가 발령되었다.

마이코플라스마 폐렴균 감염증 치료에는 마크로라이드계 항생제가 1차 치료제로 널리 사용되고 있다. 그러나 2000년 이후 아시아를 중심으로 내성 균주의 지속적인 증가가 보고되고 있으며, 중국과 일본에서는 각각 80%, 50% 이상의 높은 내성률을 보였다. 반면, 미국과 캐나다에서는 내성률이 약 10%, 유럽에서는 평균 5% 수준으로 지역 및 국가별로 내성률이 상이한 것으로 보고되고 있다[3-5]. 이러한 내성 균주의 확산은 치료 반응 지연과 재발 위험 증가 등 임상적 어려움을 초래할 뿐만 아니라 지역사회 전파에도 영향을 미쳐 공중보건학적 중요성이 크다. 마이코플라스마 폐렴균의 유행 양상과 유전적 특성 변화를 주기적으로 감시하고 예측하기 위해서는 분자유전학적 분석이 필수적이다. 이 중 multilocus sequence typing (MLST) 분석은 유전적 다양성을 유형화하여 시기별·지역별 우세 유전형 변화, 내성 균주의 출현, 장기적 추세 비교 등에 유용한 방법으로 알려져 있다[6,7]. 특히 마이코플라스마 폐렴균은 주기적 유행에 따라 주요 유전형이 교체되는 균형 이동 현상(type shift event)이 보고되고 있어, MLST 분석은 이러한 변화를 추적하는 데 효과적인 도구로 활용된다. 그러나, 이러한 분석을 위해서는 임상 검체로부터 균을 분리·배양하여 분리주를 확보해야 하지만, 마이코플라스마 폐렴균의 성장 특성상 배양 성공률이 낮아 충분하고 연속적인 분리균주 확보에 제약이 있다.

이에 질병관리청은 호흡기세균 감염증 병원체 감시사업(Acute Respiratory Infection Network, ARI-Net)을 운영하며, 호흡기질환 원인 세균의 분리와 특성 분석을 지속해 왔으며, 시기별 유행 균주의 분포와 내성 양상 변화를 모니터링하고 있다. 본 연구는 2023-2024년 국내에서 마이코플라스마 폐렴균 감염증이 유행하였던 시기에 확보된 임상 검체 및 분리균주를 대상으로, 마크로라이드 내성과 관련된 23S rRNA 도메인 V 영역 변이와 MLST 유형 분포를 종합적으로 분석하였

다. 이를 통해 국내 유행 균주의 분자유전학적 특성과 항생제 내성 양상을 규명하고, 향후 감시체계 및 항생제 치료 전략 수립을 위한 기초자료를 제공하고자 한다.

방 법

1. 균주 선정

본 연구는 2023년 1월부터 2024년 12월까지 ARI-Net에 참여하는 전국 2·3차 의료기관에서 폐렴으로 내원한 호흡기 환자의 검체를 수집하였고, 총 1,294건의 검체를 확보하였다. 대상자는 기침 또는 고열을 주 증상으로 내원하여 흉부 X선 검사에서 폐렴으로 진단된 환자 중, 초회 내원자이거나 내원 기준 5일 이내 항생제 사용 이력이 없는 전 연령층으로 정의하였다. 수집된 검체는 Allplex™ PneumoBacter Assay (Seegene)를 사용하여 마이코플라스마 폐렴균을 표적으로 하는 실시간 중합효소연쇄반응(real-time polymerase chain reaction, real-time PCR)으로 분석하였다. 모든 검사 과정 및 결과 판독은 제조사의 지침을 준수하여 수행하였다. PCR 양성으로 확인된 검체에 대해서는 마크로라이드계 항생제 내성 유전자 변이 분석을 추가로 수행하였다. 모든 검체는 SP4 배지에 접종하여 배양하였으며, 배양으로 분리된 균주는 16S rRNA 특이 유전자를 표적으로 한 PCR로 확인하여 마이코플라스마 폐렴균으로 최종 동정하였다.

2. 마크로라이드계 항생제 내성 변이 유전자 확인

마크로라이드계 항생제 내성과 관련된 마이코플라스마 폐렴균 23S rRNA 도메인 V 영역의 유전자 변이(A2063G 및 A2064G)를 확인하기 위해 macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* Real-time PCR Kit (AttoPlex)를 사용하여 분석을 실시하였다. 본 검사는 형광 표지 프로브 기반으로 23S rRNA 변이와 마이코플라스마 폐렴균 특이 유전자를 동시에 검출하고, 표적유전자의 Ct값 차이가 2 이하인 경우 내성, 2

초과인 경우 내성 관련 변이 미검출로 판정하였다.

3. MLST 분석

배양을 통해 확보된 마이코플라스마 폐렴균에 대해 MLST 분석을 수행하였다. 총 8종의 housekeeping gene인 *adhA*, *arcC*, *atpA*, *glyA*, *gmk*, *gyrB*, *pgm*, *ppa* 유전자를 대상으로 하였다. 각 유전자별 PCR primer와 반응 조건에 따라 표적 영역을 증폭한 후, 염기서열을 확인하였다. 균주별 allele profile은 PubMLST (<https://pubmlst.org/mpneumoniae>) 데이터베이스를 활용하여 sequence type (ST)을 확인하였다[8].

결 과

2023년부터 2024년까지 ARI-Net을 통해 총 1,294건의 호흡기 검체가 수집되었다. 검체 유형별로는 가래가 548건(41.0%)으로 가장 많았으며, 비인두도말 359건(26.9%), 비인두흡인액 218건(16.3%), 구인두도말 158건(11.8%), 기관지폐포세척액 50건(3.7%), 기관지흡인액 2건(0.2%), 흉막액 1건(0.1%) 순으로 확인되었다. 검체 종류에 따른 양성률을 분석한 결과, 구인두도말에서 PCR 양성률 52.3%, 배양률 32.3%로 다른 검체에 비해 비교적 높은 검출률과 분리율을 보였다(표 1).

총 1,294건의 검체 중 실시간 중합효소연쇄반응을 통해 마이코플라스마 폐렴균 양성으로 확인된 검체는 431건으로, PCR 양성률은 33.3%였다. 검체에서 배양 검사를 통해 총 217개의 균을 분리하였으며, 균 분리율은 16.8%였다(그림 1A). 해당 기간 동안 마이코플라스마 폐렴균 양성 검체는 2023년 8월에 처음 확인되었고 10월부터 약 30%의 양성률을 보이다가 2024년 1월 이후 약 80%까지 증가한 뒤 점차 감소하였다(그림 1B). 균 분리율은 2023년 10월부터 확인되기 시작해 2024년 3월까지 10~15% 수준을 유지하였으며, 4월 이후 20% 이상으로 상승하여 8~10월에는 40% 이상을 기록

표 1. 호흡기세균 감염증 병원체 감시 사업 수집 검체 종류별 마이코플라스마 폐렴균 검출 현황, 2023-2024년

검체	건 수	PCR 양성	배양 양성
가래	548 (42.3)	201 (36.7)	102 (18.6)
비인두도말	320 (24.7)	66 (20.6)	29 (9.1)
비인두흡인액	218 (16.8)	73 (33.5)	29 (13.3)
구인두도말	155 (12.0)	81 (52.3)	50 (32.3)
기관지폐포세척액	50 (3.9)	9 (18.0)	7 (14.0)
기관지흡인액	2 (0.2)	0 (0.0)	0 (0.0)
흉막액	1 (0.1)	1 (100.0)	0 (0.0)
합계	1,294 (100.0)	431 (33.3)	217 (16.8)

단위: 건(%). PCR=polymerase chain reaction.

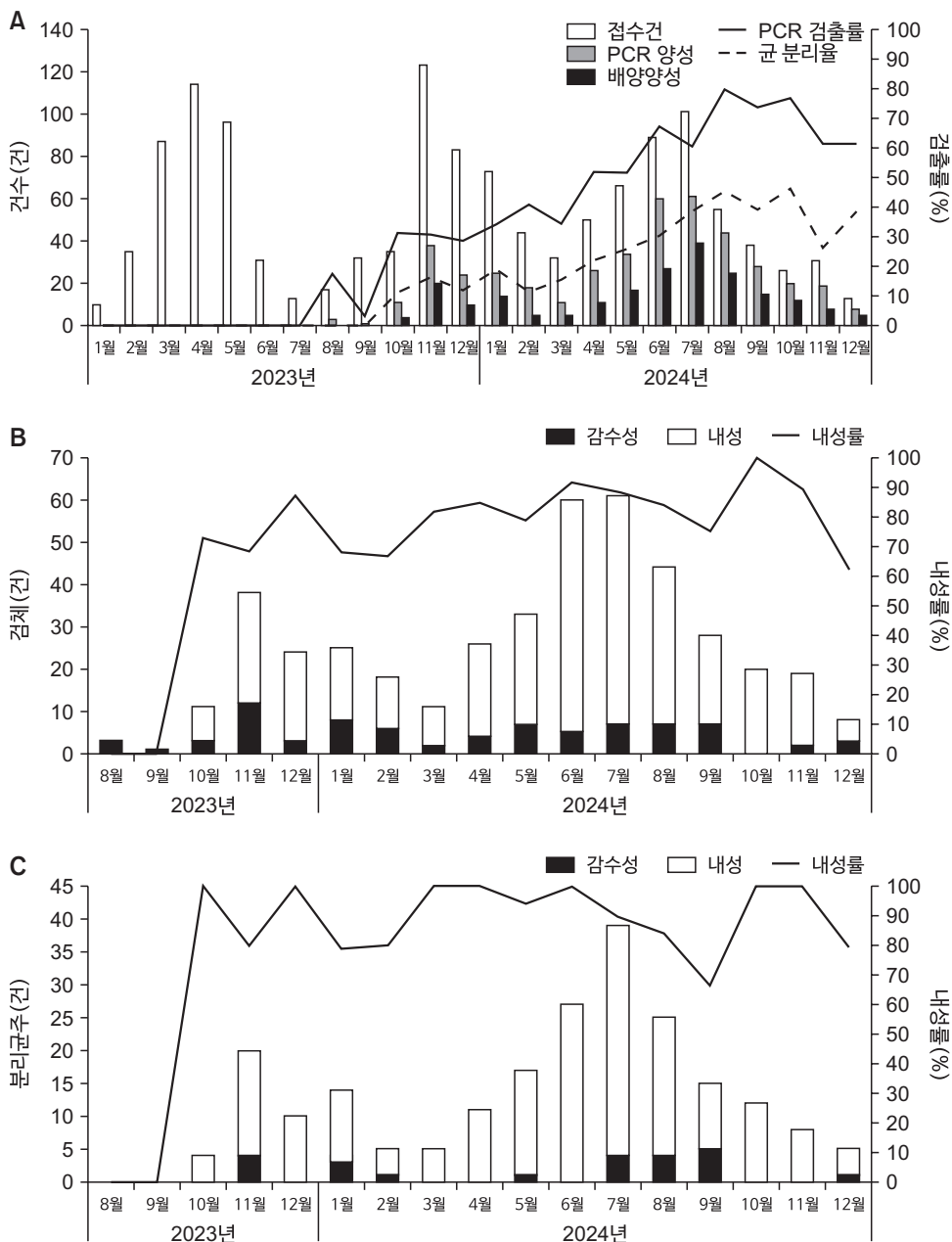


그림 1. 호흡기세균 감염증 병원체 감시 사업 월별 마이코플라스마 폐렴균 양성 및 항생제 내성 현황 (A) 감시사업 월별 마이코플라스마 폐렴균 검출 현황, 2023-2024년, (B) 국내 마이코플라스마 폐렴균 PCR 양성 검체의 월별 마크로라이드계 항생제 내성 현황, 2023-2024년, (C) 국내 마이코플라스마 폐렴균 배양 분리주의 월별 마크로라이드계 항생제 내성 현황, 2023-2024년. PCR=polymerase chain reaction.

하였다(그림 1C).

마크로라이드계 항생제 내성 유전자 변이는 마이코플라스마 페렴균 PCR 양성 검체 431건 중 351건(81.4%)에서 확인되었다. 내성은 2023년 10월부터 확인되기 시작하여 2024년 12월까지 월별로 60-100% 범위를 보였다. 내성 검체 351건 중 350건(99.7%)은 23S rRNA 도메인 V 영역 2063번 위치 A→G (A2063G) 변이를 보였고, 1건(0.3%)은 2063번과 2064번 동시 변이(A2063G, A2064G)가 확인되었다(그림 1B).

배양을 통하여 분리된 217주에 대한 내성 유전형 분석 결과, 194주(89.4%)에서 A2063G 변이가 확인되었으며, 연도별 내성률은 2023년 88.2%, 2024년 89.6%로 유사하였다. 월별 내성률은 최소 66.7%에서 최대 100% 범위를 보였다(그림 1C). 성별로는 남자 115주(53.2%), 여자 101주(46.8%)였고, 내성률은 각각 86.1%, 93.1%였다. 연령별로는 7-11세가 113주(52.3%)로 가장 많았으며, 12-19세 53주(24.5%), 4-6세 32주(14.8%), 1-3세 8주(3.7%), 20세 이상 6주(2.8%), 12개월 미만 4주(1.9%) 순이었다. 각 연령대의 내성률은

75-100% 범위를 보였다. 지역별로는 경기 73주(33.8%), 경상 45주(20.8%), 서울 41주(19.0%), 충청 26주(12.0%), 전라 22주(10.2%), 강원 6주(2.8%), 제주 4주(1.9%) 순이었으며, 지역별 내성률은 84.9-100.0%로 나타났다(표 2).

MLST 분석 결과 총 4개의 ST가 확인되었다. ST3가 195주(89.9%)로 가장 많았고, ST7 14주(6.5%), ST14 4주(1.8%), ST17 4주(1.8%)였다. 연도별로는 2023년(34주)에서 ST3 30주(88.2%), ST7 2주(5.9%), ST14 1주(2.9%), ST17 1주(2.9%)였으며, 2024년(183주)에서는 ST3 165주(90.2%), ST7 12주(6.6%), ST14 3주(1.6%), ST17 3주(1.6%)로, 2023년과 2024년 모두 ST3가 우세하였다(그림 2).

분리주의 마크로라이드 내성 유전자 변이 보유 여부에 따른 MLST 분포를 비교한 결과, 내성 유전형 변이가 확인된 분리주(194주)의 MLST 유형은 ST3 189주(97.4%), ST7 2주(1.0%), ST14 2주(1.0%), ST17 1주(0.5%)로, 대부분이 ST3에 해당하였다. 반면 내성 유전형 변이가 없는 분리주(23주)는 ST7 12주(52.2%), ST3 6주(26.1%), ST17 3주(13.0%), ST14 2주(8.7%)로 확인되었다(그림 3). 마크로라이드 감수성

표 2. 마이코플라스마 페렴균이 분리된 폐렴환자의 성별, 연령 및 지역 구분에 따른 분포, 2023-2024년

구분	2023			2024			전체 내성균 수	전체 분리주 수	전체 내성률(%)
	내성균 수	분리주 수	내성률(%)	내성균 수	분리주 수	내성률(%)			
성별									
남	12	15	80.0	87	100	80.0	99	115	86.1
여	17	18	94.4	77	83	92.8	94	101	93.1
연령									
<12개월	0	0	-	3	4	75.0	3	4	75.0
1-3세	1	1	100.0	6	7	85.7	7	8	87.5
4-6세	5	6	83.3	24	26	92.3	29	32	90.6
7-11세	17	20	85.0	85	93	91.4	102	113	90.3
12-19세	6	6	100.0	40	47	85.1	46	53	86.8
20세 이상	0	0	-	6	6	100.0	6	6	100.0
지역									
강원	1	1	100.0	5	5	100.0	6	6	100.0
경기	8	10	80.0	54	63	85.7	62	73	84.9
경상	1	1	100.0	40	44	90.9	41	45	91.1
서울	8	10	80.0	29	31	93.6	37	41	90.2
전라	3	3	100.0	18	19	94.7	21	22	95.5
제주	0	0	-	4	4	100.0	4	4	100.0
충청	9	9	100.0	14	17	82.4	23	26	88.5

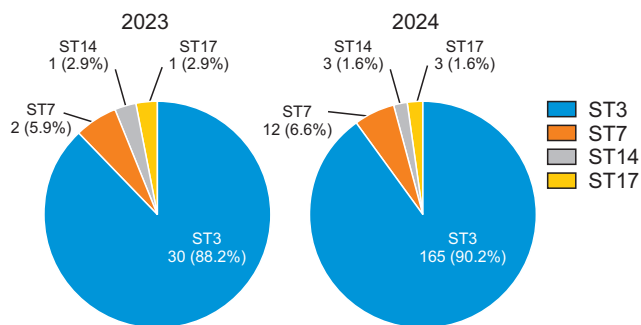


그림 2. 연도별 국내 마이코플라스마 폐렴균 분리주의 multilocus sequence typing 유형, 2023-2024년
ST=sequence type.

균주와 내성 균주 간의 ST 분포 차이를 검증하기 위해 Fisher's exact test를 실시하였다. 분석 결과, 마크로라이드 내성 집단에서는 ST3가 통계적으로 유의하게 높은 검출률을 보였으며 ($p<0.001$), 감수성 집단에서는 ST7의 비율이 유의하게 높았다 ($p<0.001$). 반면, ST14 ($p=0.222$)와 ST17 ($p=0.051$)은 두 집단 간에 통계적으로 유의한 분포 차이를 보이지 않았다. 이는 마크로라이드 내성 유전자 변이 여부에 따라 특정 ST 유형의 분포에 차이가 있음을 시사한다.

논 의

본 연구에서는 2023년부터 2024년까지 국내 마이코플라스마 폐렴균 유행 시기에 ARI-Net을 통해 수집된 양성 검체와 배양 분리주를 대상으로, 마크로라이드 내성 변이와 MLST 유형을 분석하였다.

국내 마이코플라스마 폐렴균 감염증의 유행은 2023년 하반기에 시작되어 2024년 겨울까지 지속되었으며, 본 연구에서 수집된 양성 검체와 분리주의 발생 추이도 이에 상응하는 양상을 보였다. 양성 검체에서 마크로라이드계 항생제 내성 변이는 81.4% (351건), 분리주에서 89.4% (194건)로 확인되어 매우 높은 내성률을 보였다. 이러한 내성률은 중국(검체 90-100%, 분리주 95-100%) 및 일본(검체·분리주 54-60%)과 유사한 수준이며[9-16], 유럽 국가(네덜란드 0.7%,

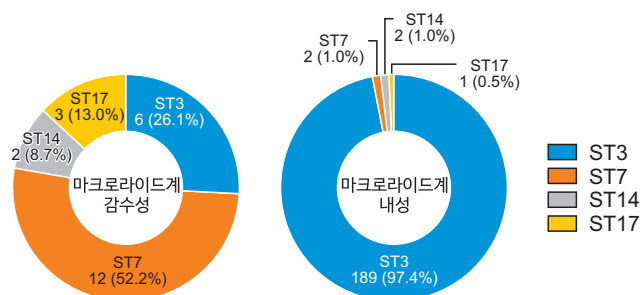


그림 3. 마크로라이드계 항생제 감수성 마이코플라스마 폐렴균 분리주와 마크로라이드계 항생제 내성 마이코플라스마 폐렴균 분리주의 multilocus sequence typing 유형별 분포, 2023-2024년
ST=sequence type.

독일 2.6%, 덴마크 1.5%, 이탈리아 7.5%)에 비해 현저히 높은 수치이다[17-19]. 한편, 그동안 내성률이 낮게 보고되던 미국에서도 최근 특정지역에서 소아환자군의 내성률이 80% 이상으로 확인되는 등 마크로라이드 내성 마이코플라스마 폐렴균의 지역사회 내 국소적 유행이 확인되었다. 대부분의 균주에서 내성은 A2063G 및 A2064G 변이에 의한 것으로 확인되고 있으나, 일부 균주에서 A2064T 변이가 보고되었다[20,21].

본 연구에서는 마크로라이드 내성 마이코플라스마 폐렴균 확인을 위해 주요 내성 관련 변이인 A2063G 및 A2064G를 대상으로 확인하였다. 분석 결과에서 모든 내성 균주에서 23S rRNA 도메인 V 영역의 A→G 변이(A2063G)가 확인되었으며, A2064G 변이는 검출되지 않았다. 이는 전 세계적으로 내성 균주의 90% 이상이 A2063G로 보고된 것과 일치한다[22,23].

MLST 분석에서는 ST3이 89.9%로 가장 높은 비율을 차지하였으며, ST7, ST14, ST17도 일부 확인되었다. 2006년부터 2019년까지의 국내 감시 결과에서는 ST3 (53.5%)와 ST14 (31.5%)가 주요 유형으로 보고된 바 있으며[24], 본 연구에서는 과거에 비해 ST3의 비율이 53.5%에서 89.9%로 크게 증가한 것을 확인할 수 있었다. 이는 ST3형이 최근 유행에서 국내 마이코플라스마 폐렴균의 주요 우세 유형으로 고착화되었음을 의미한다.

특히, 마크로라이드 내성 균주와 감수성 균주간의 MLST 분포는 뚜렷한 차이를 보였다. 내성 균주에서는 ST3이 97%로 높은 비율을 보였으나, 감수성 균주에서는 ST7이 52%로 우세하여 집단 간 우세 유형이 상이하게 나타났다. 중국에서는 마크로라이드계 내성 마이코플라스마 폐렴균 중 ST3과 ST14가 주요 유형으로, 특히 ST3형의 내성률이 100%로 보고되었고 [25,26], 일본에서는 2002년부터 2016년까지 ST3과 ST14가 우세하였으나 2018년부터 2019년 사이에는 ST7와 ST33로 우세 유형이 전환되는 현상이 나타났다[27]. 이러한 ST 유형의 변동은 마크로라이드 내성률 감소와 함께 나타났는데, 이는 단순한 내성률 감소가 아니라 우세 유전형 간 균형 이동 (type shift event) 현상과 연관되어 있음을 시사한다.

국내에서도 과거(2006-2019년) 감시 결과, 내성 균주의 66.7%가 ST3으로 보고된 바 있으며[28], 본 연구에서는 그 비율이 89.9%로 상승하였다. 2000년 이후 반복된 5차례의 마이코플라스마 폐렴균 유행 초기에는 다양한 ST가 확인되었으나 2011년 이후 ST3형이 급격히 증가하여 주요 우세 유형으로 자리 잡았고, 내성 균주의 약 98%가 ST3형에 속하는 것으로 보고되었다[29]. 이러한 ST3형의 확산은 국내 마크로라이드계 내성률 증가에 밀접한 영향을 미친 것으로 판단된다. 이와 같이 ST3 유형은 마크로라이드계 내성률 증가와 유행 지속에 직간접적으로 영향을 미치는 것으로 보이며, 이는 국내 다수 연구에서 일관되게 제시되고 있다.

이러한 분자역학적 결과의 의의에도 불구하고, 본 연구는 다음과 같은 몇 가지 제한점을 가진다. 첫째, ARI-Net 참여기관에 내원한 폐렴 환자를 대상으로 한 자료이므로 전체 인구를 대표하기에는 한계가 있으며, PCR 양성이나 배양되지 않은 균주의 특성은 반영되지 못했다. 또한, 내성 여부에 따른 임상 경과(치료 반응, 예후)를 직접 평가하지 못하였다. 둘째, 본 연구에서는 마크로라이드 내성의 주요 원인으로 알려진 23S rRNA의 A2063G 및 A2064G 변이만을 분석 대상으로 하였다. 이는 내성 균주 판별에는 효율적이거나, 일부 연구에서

제시된 23S rRNA의 도메인 V의 다른 위치(A2067, C2617 등) 변이 및 기타 잠재적 내성 기전은 포함하지 못했다는 한계가 있다[30].

이러한 제한점들이 있으나, 본 연구는 전국 단위의 호흡기 감염병 감시체계를 기반으로 국내 폐렴 환자에서 유행하는 마이코플라스마 폐렴균 균주의 내성 현황과 유전형 분포를 제시한 기초자료로서 중요한 의미가 있다. 향후에는 전장염기서열 분석(whole-genome sequencing)을 활용하여 주요 유행 균주의 계통적 연관성과 내성 기전의 다양성을 정밀하게 규명한다면, 병원체의 전파 양상 및 병독성 이해에 보다 기여할 수 있을 것으로 기대된다.

결론적으로, 주기적으로 유행하는 특성을 가진 마이코플라스마 폐렴균 감염증의 변이 추세를 예측하고 효과적으로 대응하기 위해서는 국내 발생 균주의 특성에 대한 지속적인 데이터 축적과 감시체계의 강화가 필요할 것으로 판단된다.

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: JIY, DHK, JSP, HHK. Data curation: HHK, JL, SYK. Formal analysis: HHK, JSP. Investigation: HHK, JL, SYK. Methodology: HHK, JL, SYK. Supervision: JIY. Visualization: HHK. Writing – original draft: HHK. Writing – review & editing: JIY, DHK, JSP.

References

- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). About *Mycoplasma pneumoniae* infection [Internet]. CDC; 2024 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://www.cdc.gov/mycoplasma/about/index.html>
- Kumar S. *Mycoplasma pneumoniae*: a significant but underrated pathogen in paediatric community-acquired lower respiratory tract infections. *Indian J Med Res* 2018;147:23-31.
- Lee E, Cho HJ, Hong SJ, Lee J, Sung H, Yu J. Prevalence and clinical manifestations of macrolide resistant *Mycoplasma pneumoniae* pneumonia in Korean children. *Korean J Pediatr* 2017;60:151-7.
- Chih-Cheng L, Hsueh CC, Hsu CK, Tsai YW, Hsueh PR. Disease burden and macrolide resistance of *Mycoplasma pneumoniae* infection in adults in the Asia-Pacific region. *Int J Antimicrob Agents* 2024;64:107205.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Mycoplasma pneumoniae* infection surveillance and trends [Internet]. CDC; 2026 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://www.cdc.gov/mycoplasma/php/surveillance/index.html/>
- Brown RJ, Holden MT, Spiller OB, Chalker VJ. Development of a multilocus sequence typing scheme for molecular typing of *Mycoplasma pneumoniae*. *J Clin Microbiol* 2015;53:3195-203.
- Dégrange S, Cazanave C, Charron A, Renaudin H, Bébéar C, Bébéar CM. Development of multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis for molecular typing of *Mycoplasma pneumoniae*. *J Clin Microbiol* 2009;47:914-23.
- Public databases for molecular typing and microbial genome diversity (PubMLST). *Mycoplasma pneumoniae* [Internet]. PubMLST; 2025 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://pubmlst.org/organisms/mycoplasma-pneumoniae>
- Li Y, Wu M, Liang Y, et al. *Mycoplasma pneumoniae* infection outbreak in Guangzhou, China after COVID-19 pandemic. *Virol J* 2024;21:183.
- Jiang TT, Sun L, Wang TY, et al. The clinical significance of macrolide resistance in pediatric *Mycoplasma pneumoniae* infection during COVID-19 pandemic. *Front Cell Infect Microbiol* 2023;13:1181402.
- Leng M, Yang J, Liu X. Macrolide-resistant mycoplasma pneumoniae infection in children observed during a period of high incidence in Henan, China. *Heliyon* 2024;10:e33697.
- Chen Y, Jia X, Gao Y, et al. Increased macrolide resistance rate of *Mycoplasma pneumoniae* correlated with epidemic in Beijing, China in 2023. *Front Microbiol* 2024;15:1449511.
- Jiao W, Wang J, Li C, et al. Genetic factors driving the *Mycoplasma pneumoniae* outbreak among children post-COVID-19 in China: a whole genome analysis. *Lancet Reg Health West Pac* 2025;59:101578.
- Jia X, Chen Y, Gao Y, et al. Increased in vitro antimicrobial resistance of *Mycoplasma pneumoniae* isolates obtained from children in Beijing, China, in 2023. *Front Cell Infect Microbiol* 2024;14:1478087.
- Miyashita N, Ogata M, Fukuda N, Yamura A, Ito T. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infection prevalence increases again in Osaka. *Respir Investig* 2025;63:517-20.
- Oishi T, Kenri T, Yoshioka D. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* among Japanese Children from 2008 to 2024. *Microorganisms* 2025;13:2243.
- Smit PW, Eggink D, Paltansing S, et al. *Mycoplasma pneumoniae* MLST detected in the upsurge of pneumonia during the 2023 to 2024 winter season in the Netherlands. *Sci Rep* 2025;15:6985.
- Dumke R. The high-incidence period of *Mycoplasma pneumoniae* infections 2023/2024 in southeast Germany was associated with a low level of macrolide resistance. *Infection* 2024;52:2525-7.
- Nordholm AC, Søborg B, Jokelainen P, et al. *Mycoplasma pneumoniae* epidemic in Denmark, October to December, 2023. *Euro Surveill* 2024;29:2300707.
- Leber AL, Embry T, Everhart K, Taveras J, Oyeniran SJ, Wang H. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infections among children after COVID-19 pandemic, Ohio, USA. *Emerg Infect Dis* 2025;31:555-8.
- Douvoyiannis M, Rothstein TE, Patel R. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae*, North Dakota 2024. *J Pediatric Infect Dis Soc* 2025;14:piae117.
- Guo Z, Liu L, Gong J, et al. Molecular features and antimicrobial susceptibility of *Mycoplasma pneumoniae* isolates from paediatric inpatients in Weihai, China: characteristics of *M. pneumoniae* In Weihai. *J Glob Antimicrob Resist* 2022;28:180-4.
- Kim K, Jung S, Kim M, Park S, Yang HJ, Lee E. Global trends in the proportion of macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infection in children observed during a pe-

- ma pneumoniae infections: a systematic review and meta-analysis. *JAMA Netw Open* 2022;5:e2220949.
24. Kim S, Kim D, Chun JH, Hwang K. Multilocus sequence typing analysis of *Mycoplasma pneumoniae* strains isolates in Korea, 2006-2019. *Public Health Wkly Rep* 2020;13:3356-63.
25. Zhou G, Yu Y, Ge T, Tang C, Zhang H, He M. Whole-genome probe capture sequencing reveals genomic diversity and characteristics of *Mycoplasma pneumoniae* in Nanjing, China. *Front Microbiol* 2025;16:1589971.
26. Chen Y, Li X, Fu Y, Yu Y, Zhou H. Whole-genome sequencing unveils the outbreak of *Mycoplasma pneumoniae* in mainland China. *Lancet Microbe* 2024;5:100870.
27. Morozumi M, Tajima T, Sakuma M, et al. Sequence type changes associated with decreasing macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae*, Japan. *Emerg Infect Dis* 2020; 26:2210-3.
28. Lee JK, Choi YY, Sohn YJ, et al. Persistent high macrolide resistance rate and increase of macrolide-resistant ST14 strains among *Mycoplasma pneumoniae* in South Korea, 2019-2020. *J Microbiol Immunol Infect* 2022;55:910-6.
29. Lee JK, Lee JH, Lee H, et al. Clonal expansion of macrolide-resistant sequence type 3 *Mycoplasma pneumoniae*, South Korea. *Emerg Infect Dis* 2018;24:1465-71.
30. Wang G, Wu P, Tang R, Zhang W. Global prevalence of resistance to macrolides in *Mycoplasma pneumoniae*: a systematic review and meta-analysis. *J Antimicrob Chemother* 2022;77:2353-63.

Surveillance Report

Macrolide Resistance and Multilocus Sequence Typing Genotype Analysis of *Mycoplasma pneumoniae* Isolates in the Republic of Korea, 2023–2024

Hwanhee Kim , Jin Lee , Seo Yeon Ko , Jungsun Park , Dong Hyeok Kim , Jae Il Yoo* 

Division of Bacterial Disease, Department of Laboratory Diagnosis and Analysis,
Korea Disease Control and Prevention Agency, Cheongju, Korea

ABSTRACT

Objectives: *Mycoplasma pneumoniae* is a major pathogen responsible for upper and lower respiratory tract infections, accounting for approximately 20–40% of community-acquired pneumonia cases. The infection occurs most frequently in adolescents, with periodic outbreaks occurring every 3–4 years. The present study aimed to characterize the molecular epidemiological features of *M. pneumoniae* strains isolated during the 2023–2024 epidemic in the Republic of Korea by analyzing macrolide resistance-associated mutations and multilocus sequence typing (MLST) genotypes.

Methods: From January 2023 to December 2024, 1,294 respiratory specimens were collected through the Acute Respiratory Infection Network. Macrolide-resistant mutations in the 23S rRNA domain V (A2063G/A2064G) were analyzed in *M. pneumoniae* polymerase chain reaction (PCR)-positive specimens. In addition, 217 cultured isolates were further examined for resistant mutations and MLST genotypes.

Results: Among 1,294 collected specimens, 431 (33.3%) were PCR-positive for *M. pneumoniae*, and 217 (16.8%) isolates were successfully cultured. The A2063G mutation was detected in 81.4% (351/431) of PCR-positive samples and 89.4% (194/217) of cultured isolates. MLST analysis identified four sequence types (STs): ST3 (89.9%) was predominant, followed by ST7 (6.5%), ST14 (1.8%), and ST17 (1.8%). The distribution of STs varied by resistant genotype, with ST3 (97.4%) predominating among resistant isolates and ST7 (52.2%) among susceptible isolates.

Conclusions: *M. pneumoniae* isolates collected in the Republic of Korea during 2023–2024 exhibited high rates of macrolide resistance (89.4%), with ST3 as the predominant genotype. Distinct MLST distributions were observed between resistant and susceptible strains, underscoring the need for continuous molecular surveillance to monitor periodic outbreaks and shifts in genotype.

Key words: *Mycoplasma pneumoniae*; Multilocus sequence typing; Genotype; Macrolide; Antibiotic resistance gene mutation

*Corresponding author: Jae Il Yoo, Tel: +82-43-719-8110, E-mail: knihyoo@korea.kr

Key messages

① What is known previously?

Mycoplasma pneumoniae is a major cause of community-acquired pneumonia, causing both upper and lower respiratory infections. Periodic outbreaks occur among school-aged children, and an increasing prevalence of macrolide-resistant strains has been reported.

② What new information is presented?

Among 1,294 specimens collected during 2023–2024, 431 were polymerase chain reaction-positive, with a resistance rate of 81.4%. Of 217 cultured isolates, 89.4% carried the A2063G mutation, and ST3 (89.9%) was the predominant multilocus sequence typing type.

③ What are implications?

The high prevalence of macrolide resistance and the dominance of a specific genotype (ST3) among *M. pneumoniae* isolates in the Republic of Korea underscore the need for continuous nationwide surveillance and molecular epidemiological monitoring to track resistance and genotype shifts.

Introduction

Mycoplasma pneumoniae is a common causative pathogen of atypical pneumonia that spreads within communities through respiratory droplet transmission during close contact. *M. pneumoniae* infection is characterized by symptoms such as fever, sore throat, and cough, and exhibits a wide range of clinical manifestations, from upper respiratory tract infections to pneumonia. In some cases, it can progress to severe atypical pneumonia. Although *M. pneumoniae* infection can occur across all age groups, incidence is particularly high among school-aged children and adolescents aged 3–15 years, and the risk of outbreaks is elevated in crowded settings, such as

childcare facilities and schools.

Globally, *M. pneumoniae* is known to show periodic epidemics every 3–4 years [1,2], and this cyclic pattern has also been confirmed through national sentinel surveillance data in the Republic of Korea (ROK). In fact, large-scale outbreaks were reported in 2011, 2015, and 2019, with more than 10,000 cases reported annually. During the coronavirus disease 2019 pandemic, the annual number of cases with *M. pneumoniae* infection decreased to fewer than approximately 1,000, but since autumn 2023, the number of cases has surged again, with a total of 27,285 cases reported in 2024. Accordingly, an epidemic alert for *M. pneumoniae* infection was issued on June 24, 2024.

Macrolide antibiotics are widely used as first-line treatment for *M. pneumoniae* infections. However, since the 2000s, a continuous increase in macrolide-resistant strains has been reported, particularly in Asia. High resistance rates have been documented in China (>80%) and Japan (>50%). However, resistance rates are approximately 10% in the United States and Canada and around 5% in Europe, indicating substantial regional and national variations [3–5]. The spread of these resistant strains not only induces clinical challenges, such as delayed treatment response and increased risk of recurrence, but also impacts community transmission, representing significant public health importance. Molecular epidemiological analysis is essential to periodically monitor and predict epidemic patterns and changes in the genetic characteristics of *M. pneumoniae*. Among these methods, multilocus sequence typing (MLST) analysis is widely recognized as a useful approach for classifying genetic diversity and identifying temporal and regional shifts in predominant genotypes, the emergence of resistant strains, and long-term trend comparisons [6,7]. In particular,

M. pneumoniae has been reported to undergo type shift events, wherein dominant genotypes alternate in association with periodic epidemics, making MLST an effective tool for tracking these changes. However, MLST analysis requires the isolation and culture of clinical specimens to obtain isolates, and due to the growth characteristics of *M. pneumoniae*, culture success rates are low, which limits the continuous acquisition of sufficient isolates.

To address this challenge, the Korea Disease Control and Prevention Agency operates the Acute Respiratory Infection Network (ARI-Net), through which respiratory bacterial pathogens have been continuously isolated and characterized, and temporal changes in the distribution of circulating strains and resistance patterns have been monitored. This study comprehensively analyzed macrolide resistance-associated mutations in the 23S rRNA domain V region and the distribution of MLST types using clinical specimens and isolates obtained during the 2023–2024 *M. pneumoniae* epidemic in the ROK. Through this analysis, we aimed to elucidate the molecular genetic characteristics and antibiotic resistance patterns of circulating strains and to provide foundational data for future surveillance systems and treatment strategies.

Methods

1. Selection of Isolates

From January 2023 to December 2024, respiratory specimens were collected from pneumonia patients at secondary and tertiary medical institutions across the nation participating in the ARI-Net surveillance program. A total of 1,294 specimens were obtained. Eligible patients included individuals of all ages who presented with cough or high fever as

major symptoms and were diagnosed with pneumonia by chest X-ray, and who were either first-time visitors or had no history of antibiotic use within five days prior to presentation. Collected specimens were analyzed using the Allplex™ PneumoBacter Assay (Seegene), targeting *M. pneumoniae* by real-time polymerase chain reaction (real-time PCR). All testing procedures and result interpretation were performed according to the manufacturer's instructions. For PCR-positive specimens, an additional analysis of macrolide resistance-associated mutations was conducted. All specimens were inoculated onto the SP4 medium for culture, and the cultured isolates were finally identified as *M. pneumoniae* by PCR targeting the species-specific 16S rRNA gene.

2. Detection of Macrolide Resistance-associated Mutations

To identify mutations associated with macrolide resistance in the 23S rRNA domain V region of *M. pneumoniae* (A2063G and A2064G), analysis was performed using the macrolide-resistant *M. pneumoniae* Real-time PCR Kit (AttoPlex). This fluorescence probe-based assay simultaneously detects 23S rRNA mutations and *M. pneumoniae*-specific genes. Resistance was determined when the difference in Ct values between target genes was ≤ 2 , whereas a difference of >2 was interpreted as no detection of resistance-associated mutations.

3. MLST Analysis

MLST analysis was performed on *M. pneumoniae* isolates obtained through culturing. A total of eight housekeeping genes (*adk*, *arcC*, *atpA*, *glyA*, *gmk*, *gyrB*, *pgm*, and *ppa*) were targeted. The designated gene regions were amplified using

gene-specific PCR primers and reaction conditions, followed by sequencing. Allele profiles for each isolate were assigned using the PubMLST database (<https://pubmlst.org/mpneumoniae>) to determine sequence types (STs) [8].

Results

From 2023 to 2024, a total of 1,294 respiratory specimens were collected through the ARI-Net surveillance program. By specimen type, sputum accounted for the largest proportion with 548 specimens (41.0%), followed by nasopharyngeal swabs with 359 specimens (26.9%), nasopharyngeal aspirates with 218 specimens (16.3%), throat swabs with 158 specimens (11.8%), bronchoalveolar lavage with 50 specimens (3.7%), bronchial aspirates with two specimens (0.2%), and pleural fluid with one specimen (0.1%). Analysis of positivity rates by specimen type showed that throat swabs exhibited relatively higher detection and isolation rates compared with other specimen types, with a PCR positivity rate of 52.3% and a culture positivity rate of 32.3% (Table 1).

Among the 1,294 specimens, 431 were confirmed as *M. pneumoniae*-positive by real-time PCR, yielding an overall PCR positivity rate of 33.3%. A total of 217 isolates were

obtained through culture, corresponding to an isolation rate of 16.8% (Figure 1A). During the study period, *M. pneumoniae*-positive specimens were first detected in August 2023, with positivity rates of approximately 30% beginning in October, increasing to around 80% after January 2024, followed by a gradual decline (Figure 1B). The isolation rate remained approximately 10–15% between October 2023 and March 2024, increased to over 20% after April 2024 and exceeded 40% between August 2024 and October 2024 (Figure 1C).

Macrolide resistance-associated mutations were identified in 351 of the 431 PCR-positive specimens (81.4%). Resistance was first analyzed in October 2023 and ranged from 60% to 100% each month through December 2024. Among the 351 resistant specimens, 350 (99.7%) exhibited the A→G substitution at position 2063 in the 23S rRNA domain V region (A2063G), while one specimen (0.3%) showed simultaneous mutations at positions 2063 and 2064 (A2063G and A2064G) (Figure 1B).

Among the 217 isolates obtained by culture, resistance genotype analysis revealed that 194 isolates (89.4%) harbored the A2063G mutation. The annual resistance rates were similar in 2023 (88.2%) and 2024 (89.6%). Monthly resistance rates ranged from a minimum of 66.7% to a maximum

Table 1. Detection of *Mycoplasma pneumoniae* by specimen type in the Acute Respiratory Infection Network, 2023–2024

Specimen	Case	PCR-positive	Culture positive
Sputum	548 (42.3)	201 (36.7)	102 (18.6)
Nasal swab	320 (24.7)	66 (20.6)	29 (9.1)
Nasopharyngeal aspirate	218 (16.8)	73 (33.5)	29 (13.3)
Throat swab	155 (12.0)	81 (52.3)	50 (32.3)
Bronchoalveolar lavage	50 (3.9)	9 (18.0)	7 (14.0)
Transtracheal aspirate	2 (0.2)	0 (0.0)	0 (0.0)
Pleural fluid	1 (0.1)	1 (100.0)	0 (0.0)
Total	1,294 (100.0)	431 (33.3)	217 (16.8)

Values are presented as number (%). PCR=polymerase chain reaction.

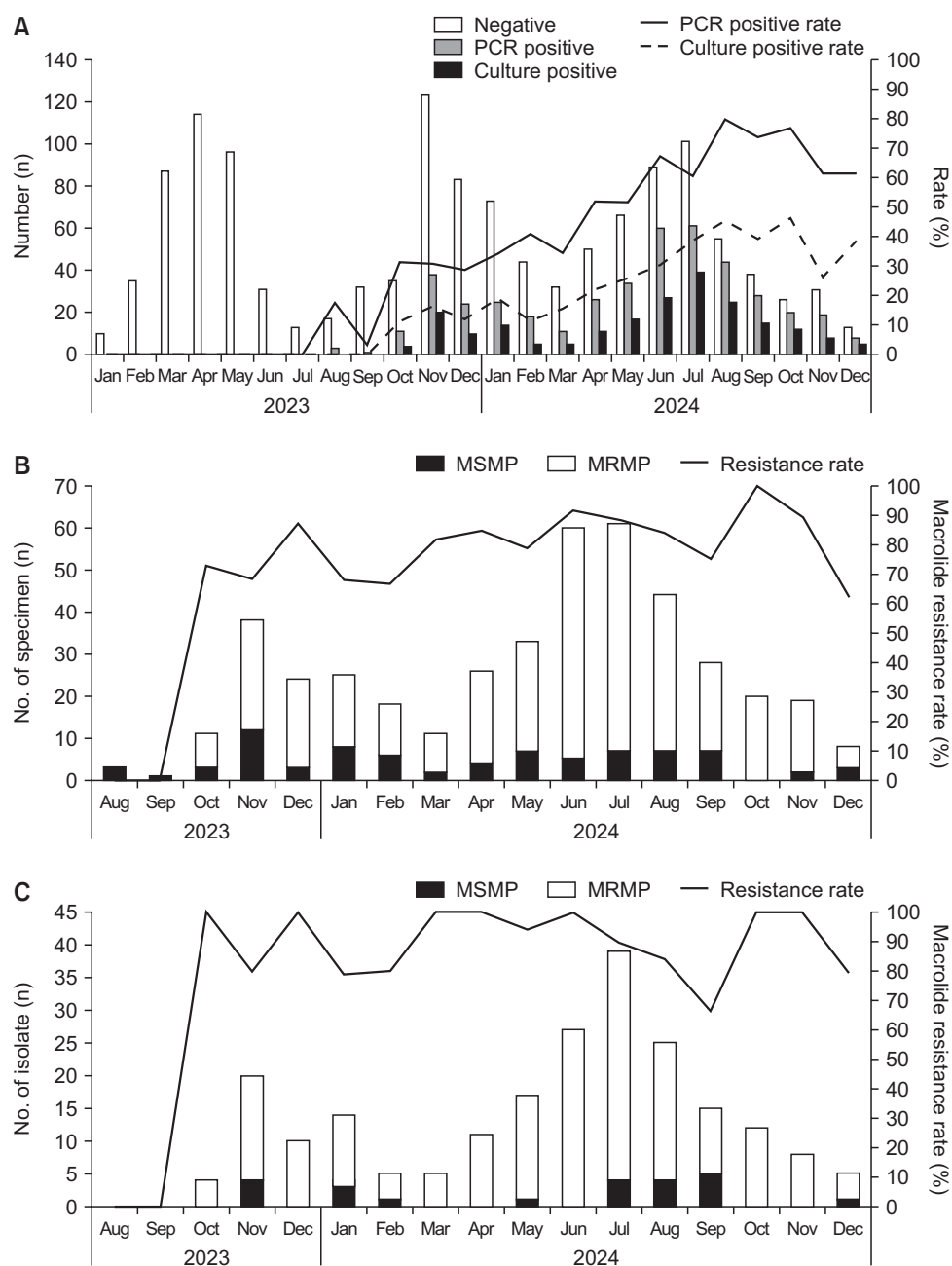


Figure 1. Monthly trends of positive cases of *Mycoplasma pneumoniae* and macrolide resistance in Acute Respiratory Infection Network (ARI-Net)

(A) Monthly detection of *M. pneumoniae* in ARI-Net collected specimens, 2023–2024; (B) Monthly distribution of macrolide resistance among *M. pneumoniae* PCR-positive specimen, 2023–2024; (C) Monthly distribution of macrolide resistance among *M. pneumoniae* culture isolates, 2023–2024. PCR=polymerase chain reaction; MSMP=macrolide-susceptible *M. pneumoniae*; MRMP=macrolide-resistant *M. pneumoniae*.

of 100% (Figure 1C). By sex, 115 (53.2%) and 101 isolates (46.8%) were obtained from males and females, with resistance rates of 86.1% and 93.1%, respectively. By age group, the largest proportion was observed among those aged 7–11 years (113 isolates, 52.3%), followed by those aged 12–19 years (53 isolates, 24.5%), 4–6 years (32 isolates, 14.8%), 1–3 years (eight isolates, 3.7%), ≥20 years (six isolates, 2.8%), and

<12 months (four isolates, 1.9%). Resistance rates across age groups ranged from 75% to 100%. By geographic region, 73 (33.8%), 45 (20.8%), 41 (19.0%), 26 (12.0%), 22 (10.2%), six (2.8%), and four isolates (1.9%) were obtained from Gyeonggi, Gyeongsang, Seoul, Chungcheong, Jeolla, Gangwon, and Jeju, respectively. Regional resistance rates ranged from 84.9% to 100.0% (Table 2).

Table 2. Distribution of sex, age, and geographic region among pneumonia patients with *Mycoplasma pneumoniae* isolates, 2023–2024

Category		2023			2024			Total MRMP isolates	Total isolates	Total resistance rate (%)
		No. of MRMP isolates	No. of isolates	Resistance rate (%)	No. of MRMP isolates	No. of isolates	Resistance rate (%)			
Sex	Male	12	15	80.0	87	100	80.0	99	115	86.1
	Female	17	18	94.4	77	83	92.8	94	101	93.1
Age group (yr)	<1	0	0	–	3	4	75.0	3	4	75.0
	1–3	1	1	100.0	6	7	85.7	7	8	87.5
	4–6	5	6	83.3	24	26	92.3	29	32	90.6
	7–11	17	20	85.0	85	93	91.4	102	113	90.3
	12–19	6	6	100.0	40	47	85.1	46	53	86.8
	20≤	0	0	–	6	6	100.0	6	6	100.0
Region	Gangwon	1	1	100.0	5	5	100.0	6	6	100.0
	Gyeonggi	8	10	80.0	54	63	85.7	62	73	84.9
	Gyeongsang	1	1	100.0	40	44	90.9	41	45	91.1
	Seoul	8	10	80.0	29	31	93.6	37	41	90.2
	Jeolla	3	3	100.0	18	19	94.7	21	22	95.5
	Jeju	0	0	–	4	4	100.0	4	4	100.0
	Chungcheong	9	9	100.0	14	17	82.4	23	26	88.5

MRMP=macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae*.

MLST analysis identified a total of four STs. ST3 was the predominant type with 195 isolates (89.9%), followed by ST7 (14 isolates, 6.5%), ST14 (four isolates, 1.8%), and ST17 (four isolates, 1.8%). By year, in 2023 (34 isolates), 30 (88.2%), two (5.9%), one (2.9%), and one isolate (2.9%) were ST3, ST7, ST14, and ST17 types, respectively. In 2024 (183 isolates), 165 (90.2%), 12 (6.6%), three (1.6%), and three (1.6%) isolates were ST3, ST7, ST14, and ST17 types, respectively. ST3 remained the predominant genotype in both years (Figure 2).

Comparison of MLST distributions according to the presence of macrolide resistance–associated mutations showed that among isolates with resistance-associated mutations (194 isolates), 189 (97.4%), two (1.0%), two (1.0%), and one isolate (0.5%) were ST3, ST7, ST14, and ST17 types, respectively, with the majority being ST3 type. In contrast, among isolates without resistance-associated mutations (23 isolates), most

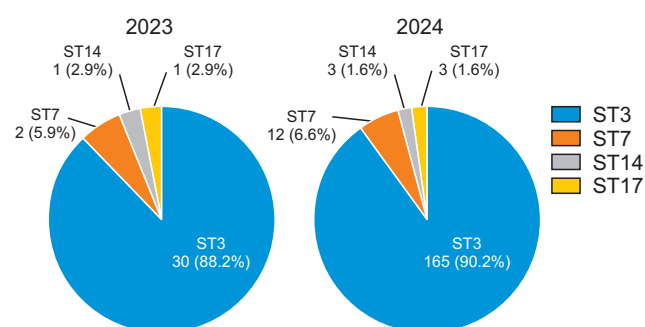


Figure 2. Distribution of multilocus sequence typing sequence types (STs) of *Mycoplasma pneumoniae* isolates, 2023–2024

isolates were ST7 type (12 isolates, 52.2%), followed by ST3 (six isolates, 26.1%), ST17 (three isolates, 13.0%), and ST14 (two isolates, 8.7%) (Figure 3). Fisher's exact test was performed to assess differences in ST distribution between macrolide-susceptible and macrolide-resistant isolates. The results showed that ST3 was detected at a significantly higher frequency in the macrolide-resistant group ($p<0.001$), while ST7 was

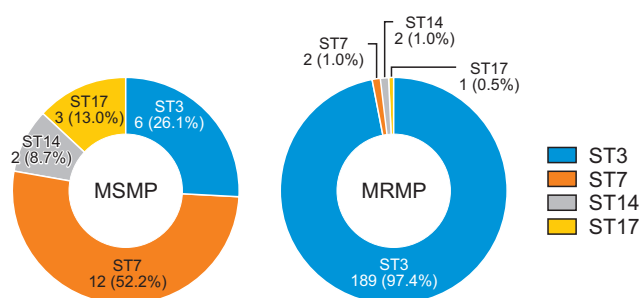


Figure 3. Distribution of multilocus sequence typing sequence types (STs) of *Mycoplasma pneumoniae* among macrolide-susceptible *M. pneumoniae* (MSMP) and macrolide-resistant *M. pneumoniae* (MRMP) isolates, 2023–2024

significantly more prevalent in the susceptible group ($p < 0.001$). In contrast, the proportions of ST14 ($p = 0.222$) and ST17 ($p = 0.051$) were comparable between the two groups. These findings suggest that the distribution of specific ST genotypes varies according to the presence of macrolide resistance-associated mutations.

Discussion

In this study, macrolide resistance-associated mutations and MLST types were analyzed in PCR-positive specimens and cultured isolates collected through the ARI-Net during the 2023–2024 *M. pneumoniae* epidemic in the ROK.

The epidemic of *M. pneumoniae* infection in the ROK began in the second half of 2023 and persisted through the winter of 2024. The temporal trends of PCR-positive specimens and isolates collected in this study corroborated these patterns. Macrolide resistance-associated mutations were identified in 81.4% (351 specimens) of PCR-positive specimens and in 89.4% (194 isolates) of cultured isolates, indicating a high resistance rate. These resistance rates were comparable to those reported in China (90–100% in specimens and 95–100%

in isolates) and Japan (54–60% in both specimens and isolates) [9–16] but were markedly higher than those reported in European countries (the Netherlands 0.7%, Germany 2.6%, Denmark 1.5%, and Italy 7.5%) [17–19]. Meanwhile, although resistance rates in the United States had previously been reported to be low, recent localized outbreaks have been identified, with resistance rates exceeded 80% among pediatric populations in certain regions, indicating focal community transmission of macrolide-resistant *M. pneumoniae*. Resistance in most strains has been attributed to the A2063G and A2064G mutations, but the A2064T mutation has also been reported in some strains [20,21].

In this study, the detection of macrolide-resistant *M. pneumoniae* focused on the major resistance-associated mutations A2063G and A2064G. The analysis showed that all isolates with resistance-associated mutations harbored the A→G substitution at position 2063 in the 23S rRNA domain V region (A2063G), whereas the A2064G mutation was not detected. This finding was consistent with global reports indicating that over 90% of resistant strains carry the A2063G mutation [22,23].

MLST analysis revealed that most isolates were ST3 type (89.9%), with ST7, ST14, and ST17 types also identified at lower frequencies. Previous national surveillance data in the ROK from 2006 to 2019 reported ST3 (53.5%) and ST14 (31.5%) as the predominant types [24]. In comparison, the present study demonstrated a marked increase in the proportion of ST3 from 53.5% to 89.9%. This finding indicated that ST3 has become firmly established as the dominant circulating genotype in recent epidemics of *M. pneumoniae* in the ROK.

In particular, clear differences in MLST distribution were observed between macrolide-resistant and macrolide-susceptible

isolates. For instance, ST3 accounted for approximately 97% of the resistant isolates, whereas ST7 was predominant (52%) among the susceptible isolates, indicating distinct dominant genotypes between the two groups. In China, ST3 and ST14 have been reported as the major types among macrolide-resistant *M. pneumoniae*, with resistance rates of 100% observed in ST3 strains [25,26]. In Japan, ST3 and ST14 were predominant between 2002 and 2016, but between 2018 and 2019, a shift in dominant types toward ST7 and ST33 was observed [27]. These changes in ST distribution were accompanied by a decrease in macrolide resistance rates, suggesting that this phenomenon reflects not merely a reduction in resistance rates but rather a type shift event between dominant genotypes.

In the ROK, a previous surveillance study (2006–2019) reported that 66.7% of resistant isolates were ST3 type [28], whereas in the present study, this proportion increased to 89.9%. During the early phases of five recurrent epidemics of *M. pneumoniae* since the 2000s, diverse STs were identified. However, since 2011, the proportion of ST3 has increased sharply and become the predominant genotype, with approximately 98% of resistant isolates reported to be ST3 type [29]. The spread of ST3 is therefore considered to have contributed closely to the increase in macrolide resistance rates in the ROK. Collectively, ST3 appears to directly and indirectly influence the persistence of epidemics and the rising macrolide resistance rate, a pattern consistently reported across multiple domestic studies.

Despite the significance of these molecular epidemiological findings, this study has several limitations. First, as the data were derived from pneumonia patients presenting to ARI-Net participating institutions, the results may not be generalized to the entire population, and the characteristics of PCR-positive

but non-cultured strains were not captured. In addition, clinical outcomes according to resistance status (such as treatment response and prognosis) were not directly evaluated. Second, this study focused only on the major macrolide resistance-associated mutations in the 23S rRNA gene, namely A2063G and A2064G. While this approach is efficient for identifying resistant strains, it does not include other reported mutations in the domain V region of 23S rRNA (such as A2067 and C2617) or other potential resistance mechanisms described in previous studies [30].

Nevertheless, this study has important significance as foundational data presenting resistance status and genotype distribution of circulating *M. pneumoniae* strains among pneumonia patients in the ROK, based on a nationwide respiratory infection surveillance system. Future studies utilizing whole-genome sequencing to precisely characterize phylogenetic relationships among predominant circulating strains and the diversity of resistance mechanisms may further enhance the understanding of pathogen transmission dynamics and virulence.

In conclusion, to effectively predict and respond to the evolving trends of *M. pneumoniae* infection, which is characterized by periodic epidemics, continuous accumulation of data on circulating strains and strengthening of surveillance systems are warranted.

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: JIY, DHK, JSP, HHK. Data curation: HHK, JL, SYK. Formal analysis: HHK, JSP. Investigation: HHK, JL, SYK. Methodology: HHK, JL, SYK. Supervision: JIY. Visualization: HHK. Writing – original draft: HHK. Writing – review & editing: JIY, DHK, JSP.

References

- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). About *Mycoplasma pneumoniae* infection [Internet]. CDC; 2024 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://www.cdc.gov/mycoplasma/about/index.html>
- Kumar S. *Mycoplasma pneumoniae*: a significant but underrated pathogen in paediatric community-acquired lower respiratory tract infections. *Indian J Med Res* 2018;147:23-31.
- Lee E, Cho HJ, Hong SJ, Lee J, Sung H, Yu J. Prevalence and clinical manifestations of macrolide resistant *Mycoplasma pneumoniae* pneumonia in Korean children. *Korean J Pediatr* 2017;60:151-7.
- Chih-Cheng L, Hsueh CC, Hsu CK, Tsai YW, Hsueh PR. Disease burden and macrolide resistance of *Mycoplasma pneumoniae* infection in adults in the Asia-Pacific region. *Int J Antimicrob Agents* 2024;64:107205.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Mycoplasma pneumoniae* infection surveillance and trends [Internet]. CDC; 2026 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://www.cdc.gov/mycoplasma/php/surveillance/index.html/>
- Brown RJ, Holden MT, Spiller OB, Chalker VJ. Development of a multilocus sequence typing scheme for molecular typing of *Mycoplasma pneumoniae*. *J Clin Microbiol* 2015;53:3195-203.
- Dégrange S, Cazanave C, Charron A, Renaudin H, Bébéar C, Bébéar CM. Development of multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis for molecular typing of *Mycoplasma pneumoniae*. *J Clin Microbiol* 2009;47:914-23.
- Public databases for molecular typing and microbial genome diversity (PubMLST). *Mycoplasma pneumoniae* [Internet]. PubMLST; 2025 [cited 2026 Jan 29]. Available from: <https://pubmlst.org/organisms/mycoplasma-pneumoniae>
- Li Y, Wu M, Liang Y, et al. *Mycoplasma pneumoniae* infection outbreak in Guangzhou, China after COVID-19 pandemic. *Viol J* 2024;21:183.
- Jiang TT, Sun L, Wang TY, et al. The clinical significance of macrolide resistance in pediatric *Mycoplasma pneumoniae* infection during COVID-19 pandemic. *Front Cell Infect Microbiol* 2023;13:1181402.
- Leng M, Yang J, Liu X. Macrolide-resistant *mycoplasma pneumoniae* infection in children observed during a period of high incidence in Henan, China. *Heliyon* 2024;10:e33697.
- Chen Y, Jia X, Gao Y, et al. Increased macrolide resistance rate of *Mycoplasma pneumoniae* correlated with epidemic in Beijing, China in 2023. *Front Microbiol* 2024;15:1449511.
- Jiao W, Wang J, Li C, et al. Genetic factors driving the *Mycoplasma pneumoniae* outbreak among children post-COVID-19 in China: a whole genome analysis. *Lancet Reg Health West Pac* 2025;59:101578.
- Jia X, Chen Y, Gao Y, et al. Increased in vitro antimicrobial resistance of *Mycoplasma pneumoniae* isolates obtained from children in Beijing, China, in 2023. *Front Cell Infect Microbiol* 2024;14:1478087.
- Miyashita N, Ogata M, Fukuda N, Yamura A, Ito T. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infection prevalence increases again in Osaka. *Respir Investig* 2025;63:517-20.
- Oishi T, Kenri T, Yoshioka D. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* among Japanese Children from 2008 to 2024. *Microorganisms* 2025;13:2243.
- Smit PW, Eggink D, Paltansing S, et al. *Mycoplasma pneumoniae* MLST detected in the upsurge of pneumonia during the 2023 to 2024 winter season in the Netherlands. *Sci Rep* 2025;15:6985.
- Dumke R. The high-incidence period of *Mycoplasma pneumoniae* infections 2023/2024 in southeast Germany was associated with a low level of macrolide resistance. *Infection* 2024;52:2525-7.
- Nordholm AC, Søborg B, Jokelainen P, et al. *Mycoplasma pneumoniae* epidemic in Denmark, October to December, 2023. *Euro Surveill* 2024;29:2300707.
- Leber AL, Embry T, Everhart K, Taveras J, Oyeniran SJ, Wang H. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infections among children after COVID-19 pandemic, Ohio, USA. *Emerg Infect Dis* 2025;31:555-8.

21. Douvoyiannis M, Rothstein TE, Patel R. Macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae*, North Dakota 2024. *J Pediatric Infect Dis Soc* 2025;14:pie117.
22. Guo Z, Liu L, Gong J, et al. Molecular features and antimicrobial susceptibility of *Mycoplasma pneumoniae* isolates from paediatric inpatients in Weihai, China: characteristics of *M. pneumoniae* In Weihai. *J Glob Antimicrob Resist* 2022;28:180-4.
23. Kim K, Jung S, Kim M, Park S, Yang HJ, Lee E. Global trends in the proportion of macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* infections: a systematic review and meta-analysis. *JAMA Netw Open* 2022;5:e2220949.
24. Kim S, Kim D, Chun JH, Hwang K. Multilocus sequence typing analysis of *Mycoplasma pneumoniae* strains isolates in Korea, 2006-2019. *Public Health Wkly Rep* 2020;13:3356-63.
25. Zhou G, Yu Y, Ge T, Tang C, Zhang H, He M. Whole-genome probe capture sequencing reveals genomic diversity and characteristics of *Mycoplasma pneumoniae* in Nanjing, China. *Front Microbiol* 2025;16:1589971.
26. Chen Y, Li X, Fu Y, Yu Y, Zhou H. Whole-genome sequencing unveils the outbreak of *Mycoplasma pneumoniae* in mainland China. *Lancet Microbe* 2024;5:100870.
27. Morozumi M, Tajima T, Sakuma M, et al. Sequence type changes associated with decreasing macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae*, Japan. *Emerg Infect Dis* 2020;26:2210-3.
28. Lee JK, Choi YY, Sohn YJ, et al. Persistent high macrolide resistance rate and increase of macrolide-resistant ST14 strains among *Mycoplasma pneumoniae* in South Korea, 2019-2020. *J Microbiol Immunol Infect* 2022;55:910-6.
29. Lee JK, Lee JH, Lee H, et al. Clonal expansion of macrolide-resistant sequence type 3 *Mycoplasma pneumoniae*, South Korea. *Emerg Infect Dis* 2018;24:1465-71.
30. Wang G, Wu P, Tang R, Zhang W. Global prevalence of resistance to macrolides in *Mycoplasma pneumoniae*: a systematic review and meta-analysis. *J Antimicrob Chemother* 2022;77:2353-63.

만성콩팥병 유병률 추이, 2014-2024년

2024년 기준 만성콩팥병 유병률(19세 이상, 연령표준화)은 전체 6.3%였고, 남자가 여자보다 더 높았다(남자 7.0%, 여자 5.7%) (그림 1). 만성콩팥병 유병률은 연령이 증가할수록 증가하여 70대 이상에서 약 25%였다(그림 2).

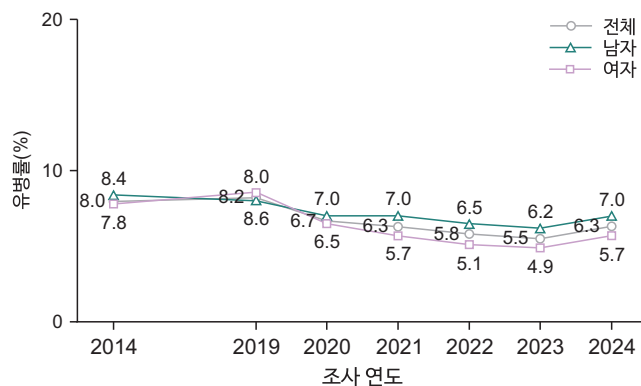


그림 1. 만성콩팥병 유병률 추이, 2014-2024년

*만성콩팥병 유병률: 사구체여과율(CKD-EPI 공식 적용)이 60 ml/min/1.73 m² 이상이면서 소변 albumin/creatinine 비율이 30 mg/g 이상인 경우 또는 사구체여과율이 60 ml/min/1.73 m² 미만인 경우의 분율, 19세 이상

**CKD-EPI: Chronic kidney disease-Epidemiology Collaboration equation

†2015-2018년에 요알부민을 미분석하여 유병률 미제시

‡그림 1의 연도별 값은 2005년 추계인구로 연령표준화

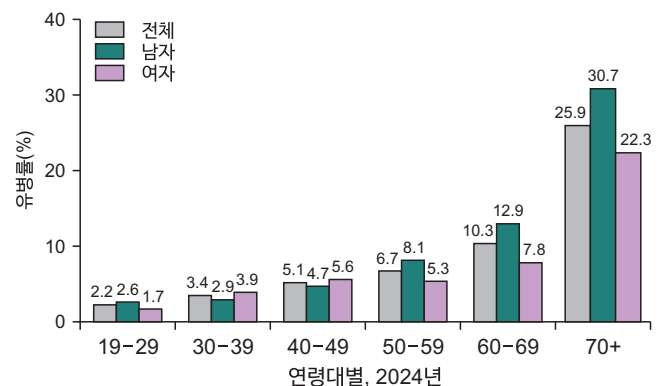


그림 2. 연령대별 만성콩팥병 유병률, 2024년

출처: 2024년 국민건강통계, <https://knhanes.kdca.go.kr>

작성: 질병관리청 만성질환관리국 건강영양조사분석과 김보람 

QuickStats

Trends in the Prevalence of Chronic Kidney Disease, 2014–2024

In 2024, prevalence of chronic kidney disease (CKD) among Korean adults aged ≥ 19 years was 6.3%, and it was higher in men than in women (men 7.0%, women 5.7%) (Figure 1). Prevalence of CKD was observed to be associated with age; the prevalence was about 25% in people aged ≥ 70 years (Figure 2).

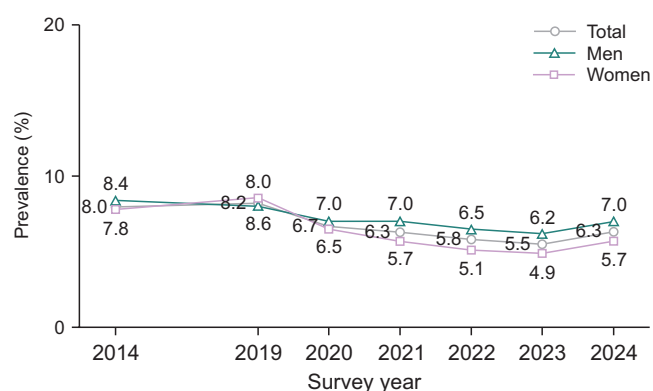


Figure 1. Trends in the prevalence of chronic kidney disease, 2014–2024

*Chronic kidney disease: Glomerular filtration rate (CKD-EPI equation) ≥ 60 ml/min/1.73 m² and urine albumin/creatinine ratio ≥ 30 mg/g, OR Glomerular filtration rate (CKD-EPI equation) < 60 ml/min/1.73 m² among those aged ≥ 19 years.

**CKD-EPI: Chronic kidney disease–Epidemiology Collaboration equation

[†]Results from 2015 to 2018 are not shown due to the absence of albuminuria.

[‡]Age-standardized prevalence was calculated using the 2005 Population Projections for the Republic of Korea.

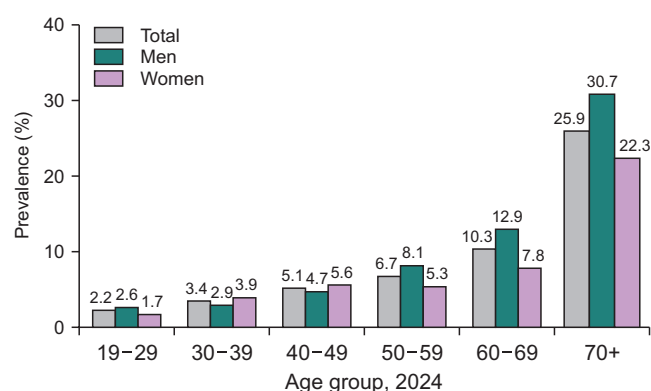


Figure 2. Prevalence of chronic kidney disease by age group, 2024

Source: Korea Health Statistics 2024, Korea National Health and Nutrition Examination Survey, <https://knhanes.kdca.go.kr>

Reported by: Boram Kim , Division of Health and Nutrition Survey and Analysis, Korea Disease Control and Prevention Agency