조사/감시 보고
eISSN 2586-0860
https://doi.org/10.56786/PHWR.2025.18.17.1

PHWR Public Health Weekly Report

2023-2024절기 인플루엔자 및 호흡기바이러스 병원체 감시 결과

우상희, 이남주, 이재희, 이지은, 김은진*

질병관리청 진단분석국 신종병원체분석과

초 록

목적: 본 원고는 2023-2024절기인 2023년 36주부터 2024년 35주까지 국내에서 유행한 호흡기바이러스 검출 양상을 파악하고 인플루엔자 바이러스의 특성 분석에 대한 결과를 공유함으로써 백신주 선정 및 공중보건 대응 강화에 기여하는 것을 목적으로 한다.

방법: 표본감시 참여의료기관으로부터 수집된 18,040건의 호흡기감염증 유증상자 검체로부터 유전자 검출검사를 통해 원인병원체의 검출 현황을 파악하고 이 중 인플루엔자 바이러스는 백신주와의 유사성 및 치료제 내성 여부 등을 살펴보기 위한 특성 분석(유전형, 항원형, 변이 여부 등)을 수행하였다.

결과: 전체 검체 중 인플루엔자 바이러스는 15.1% 검출되었고 세부아형은 A(H1N1)pdm09 41.7%, A(H3N2) 29.3%, B형 29.1% 순으로 확인되었다. 검출된 인플루엔자 바이러스의 유전형을 분석한 결과 백신주와 유사한 계통군이 유행하였고 치료제(Oseltamivir, Zanamivir, Peramivir, Baloxavir) 내성 변이는 없는 것으로 확인되었다. 또한, 항원형은 백신주에 유효한 중화능을 가지고 있었으며 치료제에 대하여 감수성을 보이는 것을 확인함으로써 이번 절기 내성주가 발생하지 않은 것을 다시 한번 확인할 수 있었다. 그 외 호흡기바이러스의 검출은 코로나19바이러스가 15.1%로 가장 높았고 리노바이러스 14.9%, 아데노바이러스 9.9%, 파라인플루엔자 5.6%, 호흡기세포융합바이러스 5.0%, 메타뉴모바이러스 4.2%, 사람코로나바이러스 3.8%, 보카바이러스 3.2% 순이었다.

결론: 인플루엔자 및 호흡기바이러스 유행 동향을 지속적으로 감시하는 것은 백신주 선정과 공중보건 대응 전략 수립에 필수적이다. 본 부서에서는 향후에도 인플루엔자를 포함한 호흡기바이러스의 검출 동향 및 바이러스의 특성 분석을 지속함으로써 호흡기감염병 발생추이 변화를 면밀하게 모니터링하고 그 결과를 공유할 예정이다.

주요 검색어: 인플루엔자; 호흡기바이러스; 국가 호흡기바이러스 통합감시; 코로나19바이러스

서 론

인플루엔자 및 호흡기바이러스로 인한 호흡기감염병은 계절적인 영향에 따른 주기적 유행으로 전 세계적으로 많은 환자가 발생하고 있으며 특히 면역력이 약한 고령층과 소아에서 심각한 건강 문제를 유발할 수 있다[1,2]. 질병관리청 신종병원체분석과에서는 국내에서 유행하는 호흡기감염병의 주요 원인병원체를 규명하고 병원체 특성에 따른 효과적인 방

Received February 28, 2025 Revised April 4, 2025 Accepted April 7, 2025
*Corresponding author: 김은진, Tel: +82-43-719-8140, E-mail: ekim@korea.kr

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency

This is an Open Access aritcle 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?

호흡기바이러스는 2022-2023절기부터 계절성을 회복한 유행 양상을 보이기 시작했고, 인플루엔자는 주로 A(H3N2) (80.9%) 바이러스가 유행하였다.

② 새로이 알게 된 내용은?

인플루엔자 바이러스는 2023-2024절기 개시부터 검출되었으며, 절기 초반에는 A(H1N1)pdm09가 41.7%로 가장 많이 검출되었고 A(H3N2) 29.3%, B형 29.1% 순으로 순차적으로 유행하였다. 호흡기바이러스의 경우 절기 초반 아데노바이러스가, 후반에는 코로나19바이러스가 가장 많이 검출되었다.

③ 시사점은?

인플루엔자 포함 호흡기바이러스의 유행 양상과 특성 분석을 지속함으로써 글로벌 공중보건 관리를 위한 인플루엔자 백신주 선정에 기여하고 신종 호흡기감염병 발생의 조기탐지를 위한 병원체 감시 역량 확대를 지속해야 한다.

역정책 수립에 기여하고자 국가 호흡기바이러스 통합감시 체계(Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System, K-RISS)를 운영하고 있다. K-RISS는 전국 200개 의료기관(표본감시 의원급 의료기관 106개소, 2, 3차 의료기관 59개소, 검사전문의료기관 5개소, 요양병원 30개소)에서 수집된 자료 및 검체를 바탕으로 인플루엔자 및 호흡기바이러스 8종(코로나19바이러스, 리노바이러스, 아데노바이러스, 보카바이러스, 메타뉴모바이러스, 파라인플루엔자바이러스, 호흡기세포융합바이러스, 사람코로나바이러스)의 유행 양상 파악은 물론, 국내 유행 중인 인플루엔자에 대해서는 유전자 분석을 통한 백신주 상동성, 치료제 내성 등을 모니터링하고, 검체로부터 바이러스를 분리하여 항원형 및 치료제 표현형 분석 등의 특성 분석을 감염병의 신속한 대응 및 백신 정책 수립에 필요한 과학적 근거를 제공하고 있다. 더불어 신종병원체 분석과는 국립인플루엔자센터(National Influenza Center)로서 세계보건기구(World Health Organization, WHO)에서 운영하는 세계 인플루엔자 감시 및 대응 체계(Global Influenza Surveillance and Response System) 참여의 일환으로 병원체 표본감시 결과를 WHO 인플루엔자 바이러스 감시 데이터베이스인 RespiMART (https://www.who.int/tools/RespiMart)에 공유하고 국내 분리주를 WHO 인플루엔자 협력센터(Influenza Collaborating Center)에 제공함으로써 인플루엔자 유행 및 대유행 대비와 백신주 선정에 기여하고 있다. 본 원고에서는 2023-2024절기(2023년 36주부터 2024년 35주까지) 동안 국내 인플루엔자 및 호흡기바이러스 검출 양상의 특징과 분리된 인플루엔자 바이러스의 유전형, 항원형 및 치료제 내성 분석 결과를 공유하고자 한다.

방 법

1. 호흡기감염병 원인바이러스 검사

2023-2024절기(2023년 36주부터 2024년 35주까지 [2023년 9월 3일-2024년 8월 31일])에 표본감시 참여 의료기관으로부터 수집된 18,040개 상기도 호흡기 검체에 대해 18개 시 · 도 보건환경연구원에서 인플루엔자 및 호흡기바이러스 8종의 유전자 검출검사(real-time reverse transcription polymerase chain reaction)를 수행하고, 신종병원체분석과에서는 각 보건환경연구원에서 수행한 검사 결과를 취합, 병원체 검출률을 분석하고 매주 「감염병 및 병원체 표본감시 주간소식지」를 통해 감시 결과를 환류하였다. 인플루엔자 바이러스의 경우 A형과 B형을 구분한 후 A형인 경우 H1/H3 아형을 검사하고 B형인 경우 Victoria/Yamagata 계열에 대한 검사로 A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B(Victoria), B(Yamagata)로 세분화하여 분석하였다.

2. 인플루엔자 바이러스 특성 분석

인플루엔자 양성 검체에 대해 추가적인 유전자 및 항원 분석을 수행하여 바이러스 특성을 평가하였다. Hemagglutinin

계통 분석(phylogenetic analysis)을 통해 백신주와 유사성을 평가하였으며, neuraminidase (NA) 및 polymerase acidic protein (PA) 유전자 염기서열 분석을 통해 항바이러스제 내성 변이 유전자의 보유 여부를 확인하였다. 또한 바이러스 분리를 위해 A(H1N1)pdm09 및 B형 양성 검체는 Madin-Darby canine kidney (MDCK) 세포에, A(H3N2) 양성 검체는 MDCK-SIAT1 세포에 접종하였다. 증식된 바이러스를 대상으로 치료제(Oseltamivir, Zanamivir, Peramivir)에 대한 내성 표현형 분석과 백신주에 면역된 족제비 항혈청과의 중화반응(hemagglutination inhibition assay 또는 focus reduction assay)을 통해 국내 분리주의 항원형을 분석하였다[3].

결 과

1. 호흡기바이러스 검출 현황

2023-2024절기 동안 검출된 바이러스는 인플루엔자와 코로나19바이러스가 각각 15.1%로 가장 높았고 리노바이러스 14.9%, 아데노바이러스 9.9%, 파라인플루엔자 5.6%, 호흡기세포융합바이러스 5.0%, 메타뉴모바이러스 4.2%, 사람코로나바이러스 3.8%, 보카바이러스 3.2% 순으로 검출되었다(표 1). 절기 초반에 높은 수준으로 검출되던 아데노바이러스는 51주 이후 연평균 검출률인 10% 수준으로 유행하였으며, 코로나19바이러스의 경우 증가와 감소를 반복하다 2024년 29주 이후 급증, 2024년 33주에 가장 높은 검출률을 나타내었다(그림 1). 연령별로는 7-12세, 13-18세의 학령기에서 인플루엔자 바이러스(27.1%), 19세 이상의 성인에서 코로나19바이러스 (26.3%), 0-6세 영 · 유아에서 리노바이러스(23.4%)와 아데노바이러스(23.6%)가 주로 검출되었고 그 외 5종 바이러스는 전 연령에서 10% 미만으로 검출되었다(그림 2).

표 1. 국내 호흡기바이러스 검출 현황

절기	검체 건수	검출률(%)								
		코로나19 바이러스	리노 바이러스	아데노 바이러스	보카 바이러스	메타뉴모 바이러스	파라 인플루엔자 바이러스	호흡기 세포융합 바이러스	사람 코로나 바이러스	인플루엔자
2023-2024	18,040	15.1	14.9	9.9	3.2	4.2	5.6	5.0	3.8	15.1

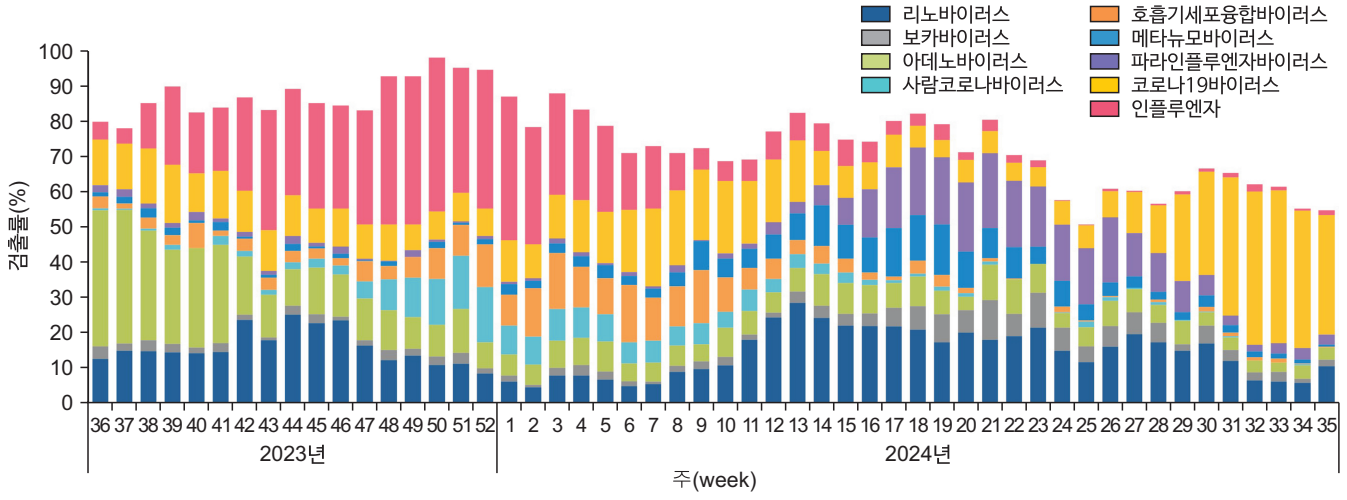

그림 1. 2023-2024절기 호흡기바이러스 주별 검출 현황

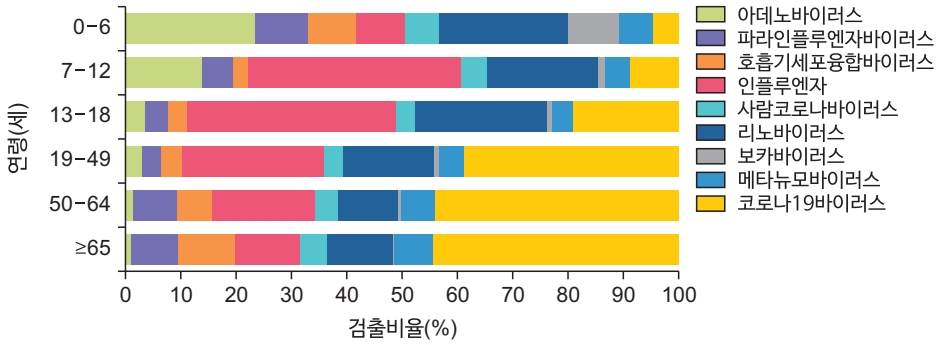

그림 2. 2023-2024절기 호흡기바이러스 연령별 검출 현황

표 2. 국내 인플루엔자 바이러스 검출 현황

절기	검체 건수	검출률(%)	아형별 검출률(%)		
		합계	A(H1N1)pdm09	A(H3N2)	B
2023-2024	18,040	15.1	41.7	29.3	29.1

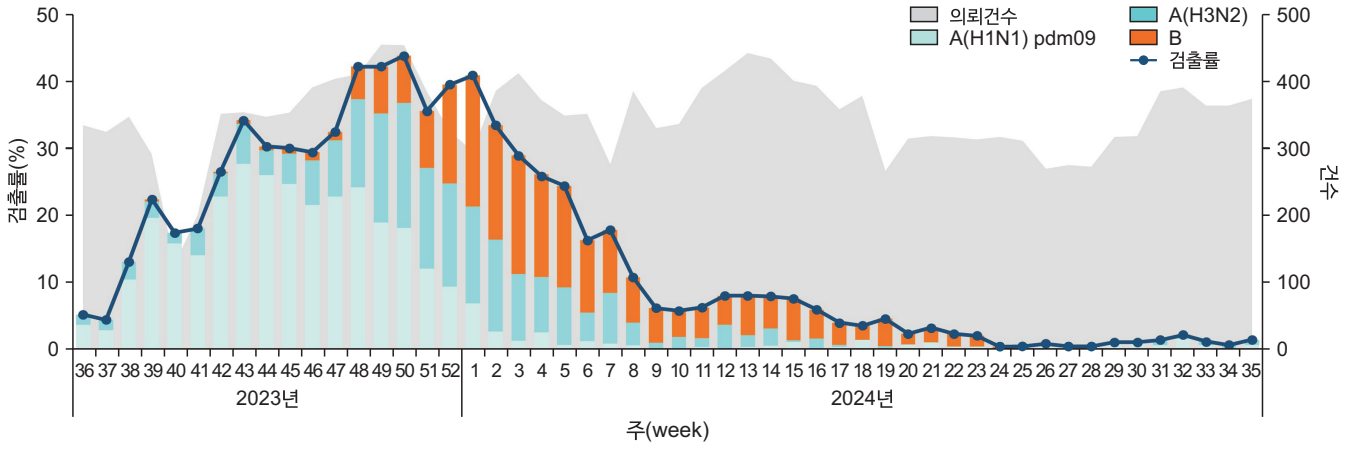

그림 3. 2023-2024절기 국내 인플루엔자 바이러스 주별 검출 현황

2. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2023-2024절기에 수집된 18,040건의 검체 중 인플루엔자 바이러스 양성은 2,720건으로 전체 절기 동안 15.1%의 검출률을 나타내었으며, 절기 초반부터 검출이 증가하기 시작하여 50주에 가장 높은 검출률(43.8%)을 보인 후 감소하다 2024년 22주부터는 2% 미만의 낮은 검출률을 유지하였다. 주로 유행한 아형은 A(H1N1)pdm09로 41.7% 검출되었으며 A(H3N2) 29.3%, B형 29.1% 순으로, B형은 모두 Victoria 계열로 확인되었다(표 2). 특히 2023년 49주까지 A(H1N1)pdm09가 주로 유행하였고, 50주부터는 A(H3N2) 우세와 함께 B형 검출이 증가하기 시작하여 2024년 1주부터는 B형이 주로 검출되었다(그림 3).

3. 국내 인플루엔자 바이러스 특성

2023-2024절기 인플루엔자 바이러스의 유전정보를 분석한 결과, A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B 모든 아형이 백신주와 높은 유사성을 보이는 세부계통이 유행한 것으로 확인되었다(표 3). 이번 절기에 가장 많이 검출된 A(H1N1)pdm09의 경우 백신주인 6B.1A.5a.2a.1과 유사한 계통인 6B.1A.5a.2a.1 (66.1%), 6B.1A.5a.2a (33.9%) 2가지 세부계통이 검출되었

표 3. 2023–2024절기 국내 인플루엔자 바이러스 특성 분석

바이러스	2023–2024절기 백신주 유전형	2023–2024절기 국내 인플루엔자 바이러스		
		유전형	치료제 내성	항원형 역가[a)]
A(H1N1)pdm09	6B.1A.5a.2a.1	6B.1A.5a.2a (33.9%) 6B.1A.5a.2a.1 (66.1%)	없음	160–640
A(H3N2)	3C.2a1b.2a.2a	3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (100.0%)	없음	80–320
B(Victoria)	V1A.3a.2	V1A.3a.2 (100.0%)	없음	80–320

[a)]역가 40 이상일 경우 중화능이 유효한 것으로 봄.

으며, A(H3N2)는 백신주와 같은 3C.2a1b.2a.3a.1 (100.0%) 세부계통이 유행한 것으로 확인되었다. 또한 B형은 모두 Victoria 계열로 세부계통은 V1A.3a.2 (100.0%)로 백신주와 일치함을 확인하였다(표 3).

치료제 내성을 갖는 인플루엔자 바이러스의 출현이 있었는지를 살펴보기 위해 인플루엔자 바이러스 NA 및 PA 유전자 염기서열 및 내성 표현형 분석을 수행한 결과, 치료제 내성에 영향을 주는 변이 유전자는 확인되지 않았고, 특히 바이러스에 직접 Oseltamivir (타미플루), Zanamivir (리렌자), Peramivir (페라미플루)를 처리하여 살펴본 표현형 분석에서도 치료제에 내성을 나타내지 않는 것을 확인하였다. 백신주를 접종한 족제비로부터 얻은 항혈청(WHO 제공)의 국내 분리주에 대한 중화능을 분석한 결과 모든 아형에 대해 중화능 역가가 40 이상(A[H1N1]pdm09 160–640, A[H3N2] 및 B형 80–320)으로 백신주 항혈청이 국내 분리주에 대해 효과적인 중화능을 나타냄을 확인하였다.

논 의

2023–2024절기 동안 국내에서 발생한 인플루엔자 및 호흡기바이러스의 유행 동향 및 병원체 특성을 분석한 결과, 인플루엔자 바이러스가 계절성 유행을 회복하며 A(H3N2) 바이러스가 80.9%로 주로 검출되었던 2022–2023절기와는 달리, 2023–2024절기에는 절기 초반 A(H1N1)pdm09, A(H3N2)의 A형이 주로 유행하다 48주 이후 B형이 증가하는 경향으로 A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B형의 3가지 아형 바이러스가 동시에 유행하였다. 특히, 학령기 연령층(7–18세)을 중심으로 유행하면서 학교 및 교육 기관 내 집단 생활이 호흡기감염병 전파에 중요한 요인으로 작용함을 알 수 있었다[4].

2023–2024절기에 유행한 인플루엔자 바이러스의 유전정보를 분석한 결과 A(H1N1)pdm09는 6B.1A.5a.2a와 6B.1A.5a.2a.1 세부계통으로 확인되었고 A(H3N2)는 모두 3C.2a1b.2a.3a.1, B형은 모두 Victoria 계열의 V1A.3a.2로 분석되었으며 이는 2023–2024절기 백신주와 동일한 계통군으로 백신주와의 높은 상동성을 확인하였다. 또한, 항원형 분석을 통해 백신주 혈청이 국내 분리주에 대해 효과적인 중화능을 보유하고 있음을 확인하였다. 따라서 이번 절기 백신을 접종받았다면 인플루엔자 감염관리가 효과적으로 이루어졌을 수 있음을 추측할 수 있다. 항바이러스 치료제에 대한 내성 여부를 살펴보기 위한 유전자 염기서열과 내성 표현형 분석 결과 모두 감수성으로 확인되어 독감환자들의 치료에 활용된 항바이러스제가 모두 효과적으로 작용했음을 알 수 있었다.

그 외 호흡기바이러스 검출은 코로나19바이러스가 15.1%로 가장 높았고 리노바이러스 14.9%, 아데노바이러스 9.9% 순이었다. 코로나19바이러스는 증가와 감소를 반복하는 경향을 보이다가 절기 후반인 여름철에 급격히 증가하여 2024년 32주에 43.5%에 이르는 높은 검출률을 나타내었고 주로 19세 이상 성인을 중심으로 유행하였다. WHO의 감시 자료에 따르면 코로나19바이러스의 검출은 전 세계적으로 2023년 하반기부터 2024년 상반기까지 증가와 감소를 반복하다[5]

2024년 25주부터 증가세를 유지하며 35주에 정점(23.6%)을 보이는 유행 패턴으로 국내 검출 동향과 유사하였다. 국내 아데노바이러스의 검출은 절기 초반 38%의 높은 검출을 보이다가 9월 이후 점차 감소하여 예년과 같은 10% 미만의 검출률을 회복하였는데[6] 미국 또한 10% 미만의 검출률을 보인 것으로 보고되었다[7].

본 부서에서는 이처럼 국내 호흡기감염병의 주요 원인병원체 감시를 통해 지역사회의 호흡기감염병 유행 상황 파악은 물론 인플루엔자 유전형 및 항원형 분석을 통한 특성규명으로 다음 절기 백신주 선정을 위한 정보생산 등 효과적인 공중보건 대응을 위한 정책 수립에 기여하고 있다. 이에 K-RISS의 안정적인 운영과 인플루엔자를 포함한 호흡기바이러스에 대한 분석 강화로 국내 호흡기감염병 예방 및 관리를 위한 근거생산은 물론 코로나19바이러스 등과 같은 신종 호흡기병원체의 조기탐지를 위한 감시 활동을 지속할 예정이다.

Declarations

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

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

Acknowledgments: We thank 18 Public Health and Environment Research Institutes for support.

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

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

References

1. Wolf RM, Antoon JW. Influenza in children and adolescents: epidemiology, management, and prevention. Pediatr Rev 2023;44:605-17.
2. Conrad A, Valour F, Vanhems P. Burden of influenza in the elderly: a narrative review. Curr Opin Infect Dis 2023;36:296-302.
3. Kim HM, Lee N, Kim MS, Kang C, Chung YS. Detection of neuraminidase inhibitors-resistant influenza virus through genetic and phenotypic analysis in Korea. Public Health Wkly Rep 2019;12:410-5.
4. Ryu S, Cowling BJ. Human influenza epidemiology. Cold Spring Harb Perspect Med 2021;11:a038356.
5. GISRS surveillance data reported to FluNet [Internet]. World Health Organization; 2025 [cited 2025 Jan 7]. Available from: https://app.powerbi.com/view?r=eyJrIjoiNzc4YTIxZjQtM2E1My00YjYxLWIxMDItNzEzMjkyY2E1MzU1IiwidCI6ImY2MTBjMGI3LWJkMjQtNGIzOS04MTBiLTNkYzI4MGFmYjU5MCIsImMiOjh9
6. Lee NJ, Woo S, Rhee JE, Lee J, Lee S, Kim EJ. Increased trend of adenovirus activity after the COVID-19 pandemic in South Korea: analysis of national surveillance data. Ann Lab Med 2024;44:581-5.
7. Abdirizak F, Winn AK, Parikh R, et al. Surveillance of human adenovirus types and the impact of the COVID-19 pandemic on reporting - United States, 2017-2023. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2024;73:1136-41.

The Republic of Korea 2023–2024 Influenza and Respiratory Viruses Laboratory Surveillance Report

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

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

ABSTRACT

Objectives: The study aim was to examine the detection patterns of respiratory virus circulation in the Republic of Korea from week 36 of 2023 to week 35 of 2024, with a focus on characterizing influenza viruses. The purpose of this study was to support the selection of vaccine strains and strengthen public health preparedness.

Methods: Respiratory specimens were collected from 18,040 symptomatic individuals using a national sentinel surveillance network. Real-time reverse transcription polymerase chain reaction testing was performed to identify the causative respiratory pathogens. For influenza viruses, further analyses were performed to assess genetic similarity with the vaccine strains, antigenic characteristics, and antiviral resistance.

Results: Influenza viruses were detected in 15.1% of specimens, with the following subtype distributions: A(H1N1) pdm09 (41.7%), A(H3N2) (29.3%), and B type (29.1%). The genetic analysis showed that the circulating strains belonged to phylogenetic groups similar to the current vaccine strains. Further, no mutations associated with resistance to antiviral drugs (Oseltamivir, Zanamivir, and Peramivir, Baloxavir) were identified. The antigenic analysis confirmed effective neutralizing activity against the vaccine strains. Among respiratory viruses, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 was the most frequently detected (15.1%), followed by rhinovirus (14.9%), adenovirus (9.9%), parainfluenza virus (5.6%), respiratory syncytial virus (5.0%), human metapneumovirus (4.2%), human coronavirus (3.8%), and bocavirus (3.2%).

Conclusions: The continuous surveillance of influenza and respiratory virus trends is essential to inform vaccine strain selection and enhance public health response strategies. Our division will conduct continuous surveillance of the epidemiological trends of respiratory viruses, including influenza, and ensure the timely provision of data for public health interventions.

Key words: Influenza; Respiratory viruses; Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System; SARS-CoV-2

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

Introduction

Respiratory infections caused by influenza and other respiratory viruses exhibit seasonal periodicity, resulting in numerous cases worldwide and posing severe health risks, particularly among immunocompromised elderly individuals and

Key messages

① What is known previously?

Respiratory viruses began to show seasonal epidemic patterns from the 2022–2023 season. The predominant influenza virus was the A(H3N2) (80.9%).

② What new information is presented?

During the early part of the 2023–2024 season, A(H1N1) pdm09 became the dominant strain (41.7%), followed by A(H3N2) (29.3%), and B type (29.1%). Adenovirus was most prevalent early in the season, while SARS-CoV-2 dominated later in the season.

③ What are implications?

The continuous surveillance of influenza virus trends and characteristics is essential for vaccine strain selection and stronger respiratory virus monitoring in order to enhance public health preparedness.

young children [1,2]. The Division of Emerging Infectious Diseases at the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA) operates the Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System (K-RISS) to identify the major pathogens responsible for respiratory infections prevalent in the Republic of Korea (ROK), thereby contributing to the establishment of effective infection control policies based on pathogen characteristics. K-RISS collects data and specimens from 200 medical institutions nationwide (106 sentinel surveillance primary care clinics, 59 secondary and tertiary hospitals, five specialized diagnostic laboratories, and 30 long-term care hospitals) to monitor the epidemiological patterns of influenza and eight respiratory viruses (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 [SARS-CoV-2], rhinovirus, adenovirus, bocavirus, metapneumovirus, parainfluenza virus, respiratory syncytial virus, human coronavirus). For influenza viruses circulating domestically, K-RISS performs genetic analyses to assess vaccine strain homology and antiviral drug resistance, isolates viruses from specimens, and conducts detailed characterization, including antigenic typing and antiviral phenotyping. These efforts provide critical scientific evidence to enable rapid responses to infectious diseases and inform vaccine policy development. Additionally, as a designated National Influenza Center, the Division of Emerging Infectious Diseases participates in the Global Influenza Surveillance and Response System operated by the World Health Organization (WHO). As part of this participation, the Division shares sentinel surveillance results through RespiMART, the WHO influenza virus surveillance database (https://www.who.int/tools/RespiMart), and provides domestic influenza virus isolates to WHO Influenza Collaborating Centers, thereby contributing to global preparedness for influenza outbreaks, pandemics, and vaccine strain selection. This manuscript aims to report the characteristics of influenza and respiratory virus detection patterns observed in ROK during the 2023–2024 season (from week 36 of 2023 to week 35 of 2024), along with the results of genetic, antigenic, and antiviral drug resistance analyses of isolated influenza viruses.

Methods

1. Testing for Viral Pathogens Causing Respiratory Infections

From September 3, 2023 to August 31, 2024 (the 2023–2024 season), real-time reverse transcription polymerase chain reaction tests for influenza and eight respiratory viruses were performed by Public Health and Environment Research Institutes in 18 metropolitan cities and provinces on 18,040

upper respiratory tract specimens collected from sentinel surveillance-participating medical institutions. The Division of Emerging Infectious Diseases at KDCA compiled these test results, analyzed the pathogen detection rates, and disseminated weekly surveillance findings through the "Sentinel Surveillance Newsletter for Infectious Diseases and Pathogens." For influenza viruses, the specimens were first differentiated into types A and B. Type A specimens underwent subtype testing for H1 and H3, while type B specimens were tested for lineage classification into Victoria or Yamagata. Thus, influenza viruses were categorized into A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B(Victoria), and B(Yamagata) for detailed analysis.

2. Characterization of Influenza Viruses

Positive influenza specimens underwent additional genetic and antigenic analyses for viral characterization. Phylogenetic analyses of the hemagglutinin gene were performed to assess similarity to vaccine strains, and genetic sequencing of the neuraminidase (NA) and polymerase acidic (PA) protein genes was conducted to identify the mutations associated with antiviral drug resistance. For virus isolation, specimens positive for A(H1N1)pdm09 and type B were inoculated into Madin-Darby canine kidney (MDCK) cells, while A(H3N2)-positive specimens were inoculated into MDCK-SIAT1 cells. Antiviral phenotypic analyses for drug resistance to Oseltamivir, Zanamivir, and Peramivir were performed on the propagated viruses. Additionally, antigenic characterization of domestic isolates was conducted using hemagglutination inhibition assays or focus reduction assays with antisera derived from ferrets immunized with vaccine strains [3].

Results

1. Detection Status of Respiratory Viruses

During the 2023–2024 season, the influenza and SARS-CoV-2 viruses had the highest detection rates at 15.1% each, followed by rhinovirus (14.9%), adenovirus (9.9%), parainfluenza virus (5.6%), respiratory syncytial virus (5.0%), metapneumovirus (4.2%), human coronavirus (3.8%), and bocavirus (3.2%; Table 1). Adenovirus showed high detection rates early in the season, but stabilized around the annual average of approximately 10% after week 51. The SARS-CoV-2 virus detection rates fluctuated until week 29 of 2024, then sharply increased, reaching a peak in week 33 of 2024 (Figure 1). Age-specific analyses revealed that influenza virus (27.1%) predominated among school-aged children (7–12 and 13–18 years), the SARS-CoV-2 virus (26.3%) was most frequently detected among adults aged ≥19 years, and rhinovirus (23.4%) and adenovirus (23.6%) were predominant among young children aged 0–6 years. The remaining 5 viruses were detected at rates below 10% across all age groups (Figure 2).

Table 1. Number of respiratory viruses detected in the Republic of Korea

Seoson	Number of specimen	Detection rate (%)								
		SARS-CoV-2	Rhino virus	Adeno virus	Boca virus	Meta-pneumo virus	Para-influenza virus	Respiratory syncytial virus	Human corona virus	Influenza
2023–2024	18,040	15.1	14.9	9.9	3.2	4.2	5.6	5.0	3.8	15.1

SARS-CoV-2=severe acute respiratory syndrome coronavirus 2.

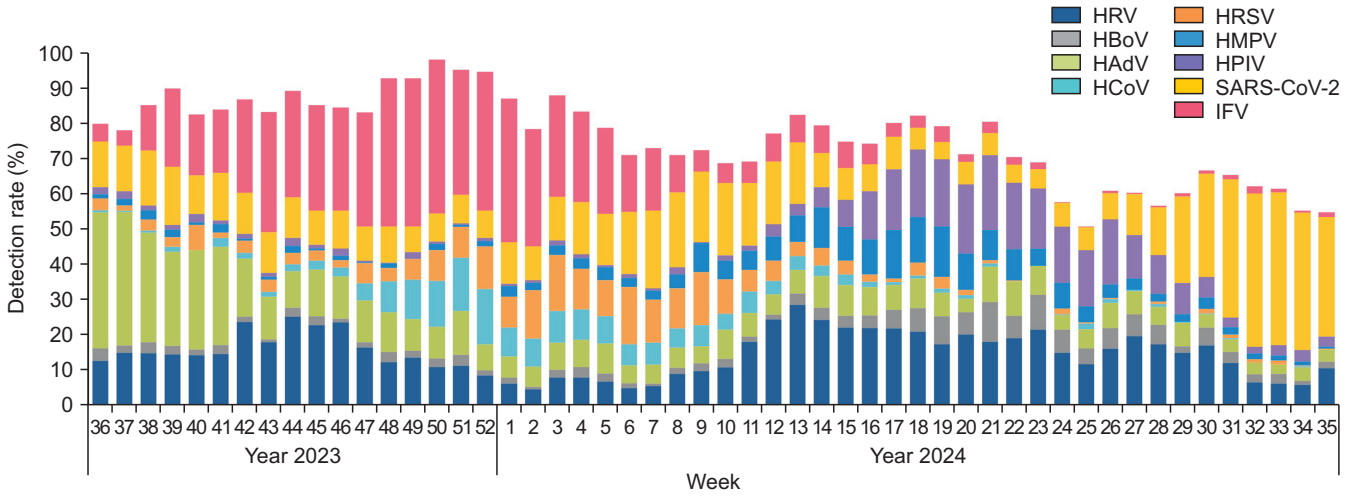

Figure 1. Weekly detection status of respiratory virus during the 2023–2024 season

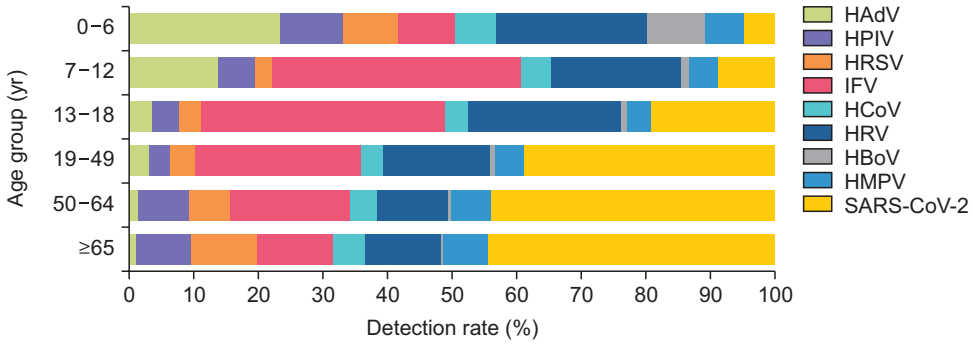

Figure 2. Detection status by age group of respiratory virus during the 2023–2024 season

Table 2. Number of influenza viruses detected in the Republic of Korea

Seoson	Number of specimen	Detection rate (%)	Detection rate by subtype (%)		
		Total	A(H1N1)pdm09	A(H3N2)	B
2023–2024	18,040	15.1	41.7	29.3	29.1

2. Detection Status of Influenza Viruses

Out of 18,040 specimens collected during the 2023–2024 season, 2,720 were positive for influenza viruses, resulting in an overall seasonal detection rate of 15.1%. The detection rates increased early in the season, peaked at 43.8% in week 50, then decreased, remaining below 2% from week 22 of 2024 onward. The predominant influenza subtype was A(H1N1)pdm09 (41.7%), followed by A(H3N2) (29.3%) and type B (29.1%), with all type B viruses belonging to the Victoria lineage (Table 2). Specifically, A(H1N1)pdm09 predominated until week 49 of 2023; from week 50 onwards, A(H3N2) became dominant alongside increased detections of type B. Beginning from week 1 of 2024, type B emerged as the predominant subtype (Figure 3).

3. Characteristics of Influenza Viruses Circulating in the Republic of Korea

Genetic analyses of influenza viruses during the 2023–2024 season indicated that all circulating influenza subtypes—A(H1N1)pdm09, A(H3N2), and type B—belonged to genetic

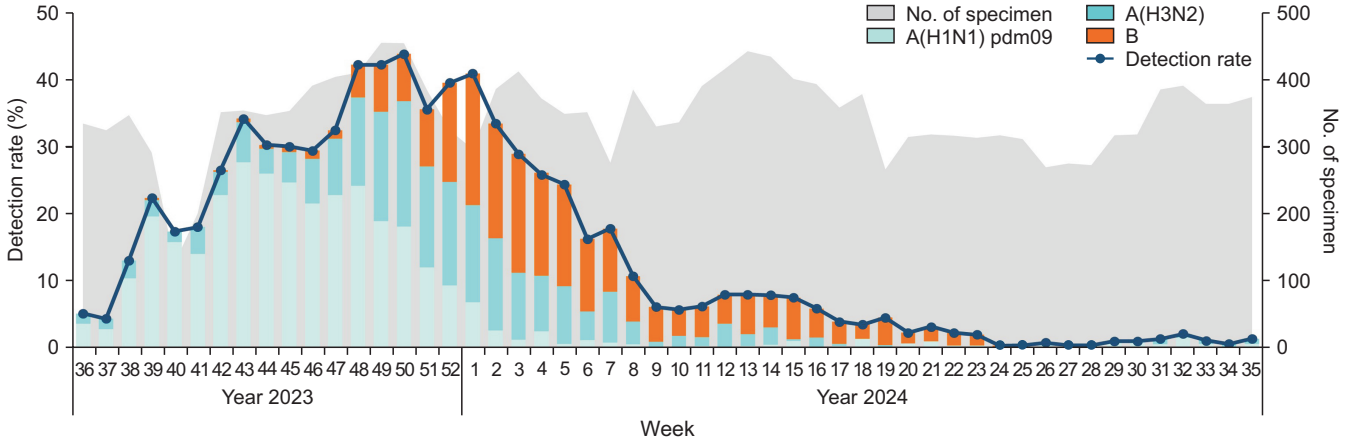

Figure 3. Weekly detection status of influenza virus in the Republic of Korea during the 2023–2024 season

Table 3. Analysis of influenza virus characteristics in the Republic of Korea during the 2023–2024 season

Virus	Clade of 2023–2024 season vaccine strain	Republic of Korea influenza virus in 2023–2024 season		
		Genotype	Drug resistance	Antibody titer[a)]
A(H1N1)pdm09	6B.1A.5a.2a.1	6B.1A.5a.2a (33.9%) 6B.1A.5a.2a.1 (66.1%)	Sensitive	160–640
A(H3N2)	3C.2a1b.2a.2a	3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (100.0%)	Sensitive	80–320
B(Victoria)	V1A.3a.2	V1A.3a.2 (100.0%)	Sensitive	80–320

[a)]Neutralization capacity effective when the titer is over the 40.

subclades highly similar to the vaccine strains (Table 3). For the predominant subtype A(H1N1)pdm09, two genetic subclades were detected: 6B.1A.5a.2a.1 (66.1%), which closely matched the vaccine strain 6B.1A.5a.2a.1, and 6B.1A.5a.2a (33.9%). The A(H3N2) subtype exclusively belonged to subclade 3C.2a1b.2a.3a.1, identical to the vaccine strain. All type B viruses were identified as that of the Victoria lineage, specifically subclade V1A.3a.2 (100.0%), matching the vaccine strain (Table 3).

To investigate potential antiviral-resistant influenza viruses, genetic sequencing of NA and PA genes and antiviral phenotypic analyses were conducted. No mutations associated with antiviral resistance were identified. Additionally, phenotypic assays directly exposing viruses to Oseltamivir, Zanamivir, and Peramivir confirmed that none exhibited antiviral resistance. Neutralization assays using antisera derived from ferrets immunized with vaccine strains (provided by WHO) demonstrated neutralizing antibody titers of ≥40 against all domestic influenza isolates tested (titers ranged from 160 to 640 for A(H1N1)pdm09 and from 80 to 320 for A(H3N2) and type B), confirming effective neutralization by the vaccine strain antisera.

Discussion

An analysis of influenza and respiratory virus epidemiological trends and pathogen characteristics during the 2023–2024 season in ROK revealed a distinct pattern compared to the previous 2022–2023 season. Whereas influenza returned to typical seasonal epidemics dominated by subtype A(H3N2)

(80.9%) in the 2022–2023 season, the 2023–2024 season initially showed simultaneous circulation of influenza A subtypes (A[H1N1]pdm09 and A[H3N2]), followed by an increased prevalence of type B viruses after week 48. Consequently, all three influenza virus subtypes—A(H1N1)pdm09, A(H3N2), and type B—circulated concurrently. Notably, influenza predominantly affected school-aged populations (7–18 years), highlighting communal living environments in schools and educational institutions as significant factors contributing to respiratory disease transmission [4].

Genetic characterization of influenza viruses circulating during the 2023–2024 season identified two genetic subclades for subtype A(H1N1)pdm09 (6B.1A.5a.2a and 6B.1A.5a.2a.1), a single genetic subclade for subtype A(H3N2) (3C.2a1b.2a.3a.1), and one genetic subclade for type B (Victoria lineage V1A.3a.2). All the identified subclades matched the vaccine strains selected for the 2023–2024 season, indicating high genetic homology. Furthermore, antigenic analyses confirmed that vaccine strain antisera effectively neutralized domestic influenza virus isolates. Therefore, it can be inferred that influenza vaccination during this season likely provided effective protection against infection. Genetic sequencing and antiviral phenotypic assays performed to assess antiviral drug resistance confirmed susceptibility to all tested antiviral agents, indicating the sustained efficacy of antiviral medications used to treat patients with influenza.

Among other respiratory viruses, the SARS-CoV-2 virus showed the highest detection rate at 15.1%, followed by rhinovirus (14.9%) and adenovirus (9.9%). The SARS-CoV-2 virus detection rates fluctuated throughout the season, but sharply increased during the summer months toward the latter part of the surveillance period, peaking at 43.5% in week 32 of 2024 and predominantly affecting adults aged ≥19 years. According to WHO surveillance data, global SARS-CoV-2 virus detections showed fluctuating trends from the latter half of 2023 to the first half of 2024, subsequently maintaining an increasing trend starting from week 25 of 2024 and peaking at 23.6% in week 35. This global epidemiological pattern closely mirrored the domestic detection trends [5]. Domestic adenovirus detection rates initially peaked at approximately 38% early in the season, then gradually declined from September onwards, returning to typical annual levels below 10% [6]. Similar trends were reported in the United States, with adenovirus detection rates also remaining below 10% [7].

The Division of Emerging Infectious Diseases at KDCA contributes to effective public health responses by monitoring key respiratory pathogens circulating in ROK, characterizing influenza viruses genetically and antigenically, and generating critical data to inform vaccine strain selection for subsequent seasons. Therefore, stable operation of the K-RISS and enhanced analysis of influenza and other respiratory viruses will continue to provide essential evidence for respiratory infection prevention and control in ROK, as well as support surveillance for the early detection of emerging respiratory pathogens, such as SARS-CoV-2.

Declarations

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

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

Acknowledgments: We thank 18 Public Health and

Environment Research Institutes for support.

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

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

References

1. Wolf RM, Antoon JW. Influenza in children and adolescents: epidemiology, management, and prevention. Pediatr Rev 2023;44:605-17.
2. Conrad A, Valour F, Vanhems P. Burden of influenza in the elderly: a narrative review. Curr Opin Infect Dis 2023;36:296-302.
3. Kim HM, Lee N, Kim MS, Kang C, Chung YS. Detection of neuraminidase inhibitors-resistant influenza virus through genetic and phenotypic analysis in Korea. Public Health Wkly Rep 2019;12:410-5.
4. Ryu S, Cowling BJ. Human influenza epidemiology. Cold Spring Harb Perspect Med 2021;11:a038356.
5. GISRS surveillance data reported to FluNet [Internet]. World Health Organization; 2025 [cited 2025 Jan 7]. Available from: https://app.powerbi.com/view?r=eyJrIjoiNzc4YTIxZjQtM2E1My00YjYxLWIxMDItNzEzMjkyY2E1MzU1IiwidCI6ImY2MTBjMGI3LWJkMjQtNGIzOS04MTBiLTNkYzI4MGFmYjU5MCIsImMiOjh9
6. Lee NJ, Woo S, Rhee JE, Lee J, Lee S, Kim EJ. Increased trend of adenovirus activity after the COVID-19 pandemic in South Korea: analysis of national surveillance data. Ann Lab Med 2024;44:581-5.
7. Abdirizak F, Winn AK, Parikh R, et al. Surveillance of human adenovirus types and the impact of the COVID-19 pandemic on reporting - United States, 2017-2023. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2024;73:1136-41.