



## 2024-2025절기 인플루엔자 및 호흡기바이러스 병원체 감시 결과

우상희 , 이남주 , 이재희 , 이지은 , 김은진\*

질병관리청 진단분석국 신종병원체분석과

### 초 록

**목적:** 2024년 36주부터 2025년 35주까지 국내 호흡기바이러스 검출 양상과 인플루엔자 바이러스 특성 분석 결과를 공유함으로써 효과적인 방역 정책 수립과 공중보건 대응 강화에 기여하고자 하였다.

**방법:** 호흡기 유증상자 검체를 표본감시 참여 의료기관이 채취하여 전국 18개 시·도 보건환경연구원에서 호흡기바이러스 유전자 검출 검사를 시행하였고 원인병원체의 검출 현황을 파악하였다. 인플루엔자 바이러스는 유전형, 항원형, 내성 변이 여부 등 특성 분석을 통해 백신주 유사성 및 치료제 내성을 살펴보았다.

**결과:** 2024-2025절기에 수집된 검체 중 호흡기바이러스의 검출률은 인플루엔자 바이러스가 15.2%로 가장 높았고 리노바이러스가 15.0%, 코로나바이러스감염증-19 바이러스 9.7%, 파라인플루엔자바이러스 6.2%, 아데노바이러스 4.9%, 메타뉴모바이러스 4.8%, 사람코로나바이러스 4.7%, 호흡기세포융합바이러스 3.6%, 사람보카바이러스 3.2% 순이었다. 인플루엔자 바이러스 세부 아형은 A(H1N1)pdm09 39.6%, B형 36.8%, A(H3N2) 23.6% 순으로 확인되었다. 국내 발생한 인플루엔자 바이러스는 2024-2025절기 백신주와 유사한 계열이었고 항바이러스 치료제 내성 또한 발견되지 않았다.

**결론:** 인플루엔자 및 호흡기바이러스의 발생 추이는 매 절기 변화하고 있으며 이에 따른 유행 동향을 지속적으로 감시하는 것이 방역 정책 수립과 공중보건 대응에 필수적이다. 본 부서에서는 국가 호흡기바이러스 통합감시 사업을 통해 호흡기바이러스의 검출 양상 및 인플루엔자 바이러스의 특성 분석을 수행하고 그 결과를 지속적으로 공유할 예정이다.

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

### 서 론

급성 호흡기 감염병은 전 세계적으로 높은 이환율과 의료 부담을 초래하는 주요 공중보건 문제로 특히 인플루엔자 바이러스는 외래 방문 및 입원 발생의 주요 원인으로 작용하

며, 유행 규모와 중증도는 매 절기 상이하게 나타나 체계적이고 지속적인 감시의 중요성이 강조되고 있다[1]. 질병관리청 신종병원체분석과에서는 국가 호흡기바이러스 통합감시 체계(Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System, K-RISS)의 운영을 통해 국내 유행하는 호흡기 감염병의 원인

Received January 22, 2026 Revised March 12, 2026 Accepted March 13, 2026

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

Copyright © Korea Disease Control and Prevention Agency



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



### 핵심요약

#### ① 이전에 알려진 내용은?

인플루엔자 바이러스는 2023-2024절기 초반에 주로 A(H1N1)pdm09가 유행하였고 A(H3N2), B형이 순차적으로 유행하였다.

#### ② 새로이 알게 된 내용은?

2024-2025절기 초반에 A(H1N1)pdm09와 A(H3N2)가 동시에 유행하였고 A형이 감소하면서 B형이 증가하여 절기 중반까지 2번의 유행 양상을 나타내었다.

#### ③ 시사점은?

호흡기바이러스 검출 양상은 계속 변화하고 있어 병원체 감시의 면밀한 모니터링과 감시 역량을 강화할 필요가 있다.

병원체를 규명하고 검출 양상에 따른 방역 정책의 수립에 기여하고 있다. K-RISS는 전국 200개 의료기관(표본감시 의원급 의료기관 106개소, 2·3차 의료기관 59개소, 검사전문의료기관 5개소, 요양병원 30개소)에서 수집된 검체로부터 인플루엔자 및 코로나바이러스감염증-19(코로나19)를 포함한 호흡기바이러스 7종(리노바이러스, 아데노바이러스, 사람보카바이러스, 메타뉴모바이러스, 파라인플루엔자바이러스, 호흡기세포융합바이러스, 사람코로나바이러스)에 대한 결과를 취합하여 국내 유행 양상을 제공하고 방역 정책 수립과 공중보건 대응에 필요한 근거 자료를 생산하고 있다. 특히 인플루엔자 바이러스는 대표적인 계절성 호흡기 감염병 병원체로서, 높은 유전적 변이성과 항원적 변화 특성을 지니고 있어 지속적인 특성 분석이 필수적이다. 이에 따라 K-RISS에서는 인플루엔자 바이러스의 유전형 및 항원형 분석을 통해 백신주와의 유사성을 평가하고, 항바이러스 치료제 내성 변이에 대한 감시를 병행함으로써 백신 정책과 임상 치료 전략 수립을 지원하고 있다. 그러나 호흡기바이러스의 검출 양상과 인플루엔자 바이러스의 아형 분포, 유전·항원적 특성은 절기마다 변화하는 양상을 보이며, 이러한 변화는 유행 규모 및 공중보건 대응

전략에 직접적인 영향을 미친다. 따라서 특정 절기를 대상으로 한 호흡기바이러스 유행 특성과 인플루엔자 바이러스 특성에 대한 종합적인 분석은 국가 감시체계의 효율성을 평가하고 향후 대응 방향을 설정하는 데 중요한 의미를 가진다. 본 원고에서는 2024-2025절기 동안 검출된 국내 호흡기 감염병의 유행 양상 특징과 인플루엔자 바이러스의 유전형, 항원형 및 항바이러스 치료제 내성 분석 결과를 공유하고자 한다. 이를 통해 계절별 호흡기 감염병 유행 특성에 대한 이해를 높이고, 향후 방역 정책 수립과 공중보건 대응 강화에 기여하고자 한다.

## 방 법

### 1. 호흡기 감염병 원인바이러스 검사

2024-2025절기 동안 표본감시 참여 의료기관에서 호흡기 유증상자에 대하여 상기도 검체를 채취하였고 채취된 검체는 전국 18개 시·도 보건환경연구원에서 인플루엔자 및 호흡기바이러스 8종에 대해 유전자 검출검사(real-time reverse transcription polymerase chain reaction)를 수행하였다. 본 부서에서는 유전자 검출검사 결과를 취합하여 국내 병원체 검출률을 분석하고 매주 「감염병 표본감시 주간소식지」를 통해 감시 결과를 환류하였다.

### 2. 인플루엔자 바이러스 특성 분석

인플루엔자 양성 검체로부터 추출한 RNA로 next-generation sequencing을 수행하여 유전자 염기서열을 확보하고 hemagglutinin (HA) 계통 분석(phylogenetic analysis)을 통해 백신주와 유사성을 평가하였으며, neuraminidase (NA) 및 polymerase acidic protein (PA) 유전자 분석을 통해 항바이러스제 내성 변이 유전자를 확인하였다.

A(H1N1)pdm09 및 B형 양성 검체는 Mardin-Darby canine kidney (MDCK) 세포에, A(H3N2) 양성 검체는

MDCK-SIAT1 세포에 접종하여 바이러스를 분리 배양하였다. 증식된 바이러스를 대상으로 치료제(oseltamivir, zanamivir, peramivir)에 대한 내성 표현형 분석과 백신주 항혈청과의 중화반응(hemagglutination inhibition assay 또는 focus reduction assay)을 통해 국내 분리주의 항원형을 분석하였다[2].

## 결 과

### 1. 인플루엔자 바이러스 검출 현황

2024-2025절기에 수집된 검체 중 인플루엔자 바이러스는 15.2%가 검출되었고 인플루엔자 바이러스 양성 검체 중 세부 아형은 A(H1N1)pdm09 39.6%, B Victoria 계열 36.8%, A(H3N2) 23.6% 순의 비율이었다(표 1). 절기 초반인 48주부터 A형이 증가하기 시작하여 2025년 1주에 정점(62.9%)을 나타내었고 이는 이전 절기인 2023-2024절기에 비해 약 20% 증가한 수준이었다. A형이 주로 유행하는 시기

는 학령기 연령층(7-12세)과 함께 50-64세와 65세 이상 연령층을 중심으로 한 유행 패턴이 관찰되었다. 또한 봄철에 다시 학령기 연령층(7-18세)을 중심으로 2차 유행이 관찰되었으며 B형 바이러스가 주로 검출되었다(그림 1). 2024-2025절기에 연령별로 검출된 인플루엔자 바이러스는 학령기인 13-18세에서 27.3%로 가장 높았고 7-12세(23.0%), 19-49세(18.2%), 50-64세(15.9%), 65세 이상(10.1%), 0-6세(5.6%) 순의 비율로 나타났다(그림 2).

### 2. 호흡기바이러스 검출 현황

2024-2025절기 동안 인플루엔자 바이러스가 15.2%로 가장 많이 검출되었고 리노바이러스 15.0%, 코로나19 바이러스 9.7%, 파라인플루엔자바이러스 6.2%, 아데노바이러스 4.9%, 메타뉴모바이러스 4.8%, 사람코로나바이러스 4.7%, 호흡기세포융합바이러스 3.6%, 사람보카바이러스 3.2% 순으로 검출되었다(표 2). 리노바이러스는 연중 20% 이상의 높은 검출률을 보였으나 인플루엔자 바이러스 A형이 유행하는 시

표 1. 국내 인플루엔자 바이러스 검출 현황

절기	검체 건수	검출률(%)			
		합계	A(H1N1)pdm09	A(H3N2)	B(Victoria)
2024-2025	17,091	15.2	39.6	23.6	36.8

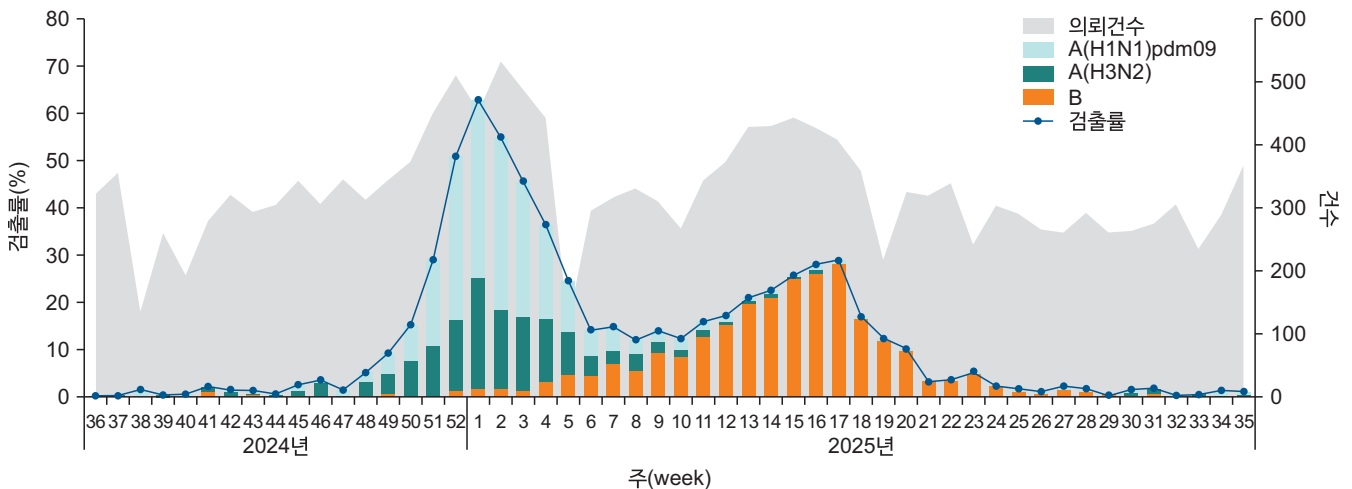
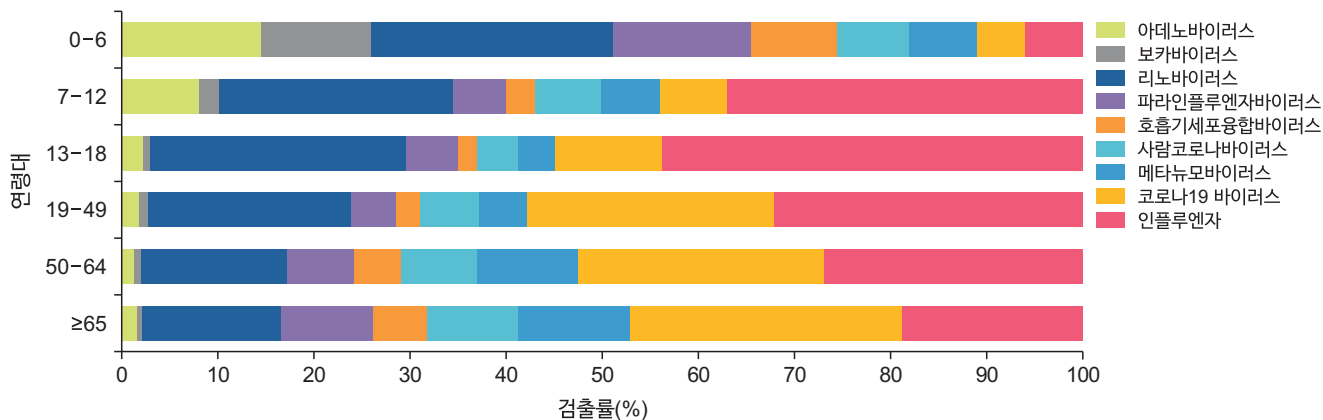


그림 1. 2024-2025절기 국내 인플루엔자 바이러스 주별 검출 현황

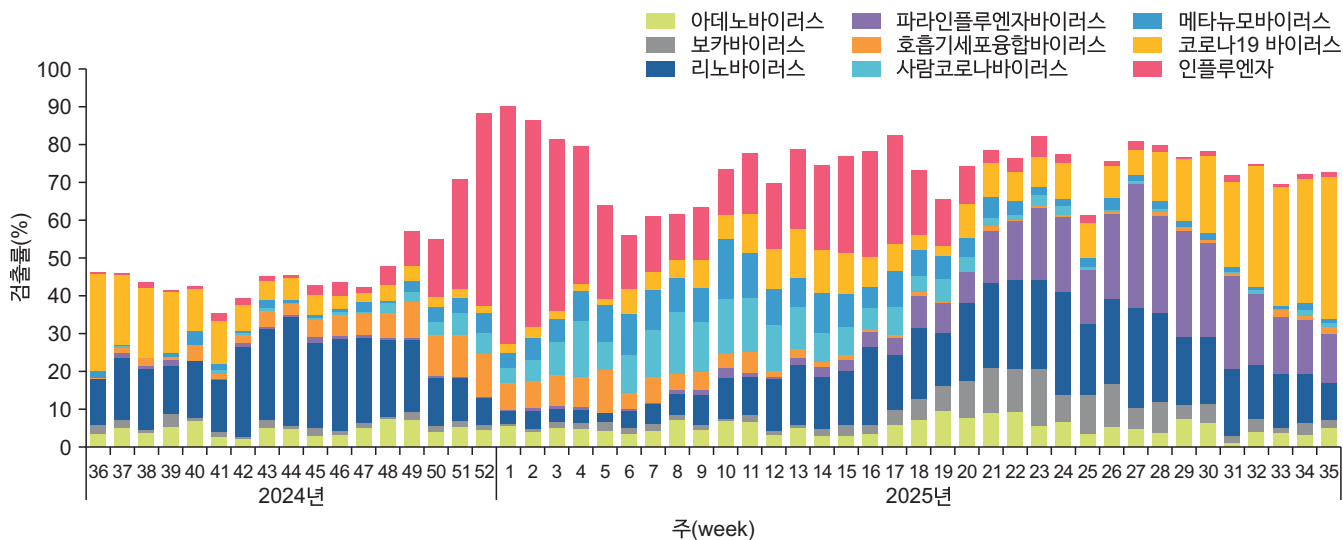


**그림 2.** 2024-2025절기 호흡기바이러스 연령별 검출 현황  
코로나19=코로나바이러스감염증-19.

**표 2.** 국내 호흡기바이러스 검출 현황

절기	검출률(%)								
	인플루엔자	리노 바이러스	코로나19 바이러스	파라인플루엔자 바이러스	아데노 바이러스	메타뉴모 바이러스	사람코로나 바이러스	호흡기세포 융합바이러스	보카 바이러스
2024-2025	15.2	15.0	9.7	6.2	4.9	4.8	4.7	3.6	3.2

코로나19=코로나바이러스감염증-19.



**그림 3.** 2024-2025절기 국내 호흡기바이러스 주별 검출 현황  
코로나19=코로나바이러스감염증-19.

기에는 10% 미만의 낮은 검출률을 나타내었다. 코로나19 바이러스는 여름철에 검출이 증가하기 시작하여 35주에 가장 높은 검출률(37.7%)을 나타내었다(그림 3). 연령별로는 인플루엔자 바이러스가 영유아인 0-6세와 고령층인 65세 이상을

제외하고 모든 연령층에서 가장 높게 검출되었다. 0-6세 영유아에서는 리노바이러스(23.4%)가 주로 검출되었고 65세 이상 고령층에서는 코로나19 바이러스(15.3%)가 주로 검출되었다(그림 2).

표 3. 2024-2025절기 국내 인플루엔자 바이러스 특성 분석

바이러스	2024-2025절기 백신주 유전형	2024-2025절기 국내 인플루엔자 바이러스		
		유전형	치료제 내성	항원형 역가 <sup>a)</sup>
A(H1N1)pdm09	6B.1A.5a.2a.1	6B.1A.5a.2a (84.8%) 6B.1A.5a.2a.1 (15.2%)	없음	160-640
A(H3N2)	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1(J) (100.0%)	없음	80-320
B(Victoria)	V1A.3a.2	V1A.3a.2 (100.0%)	없음	80-320

<sup>a)</sup>역가 40 이상일 경우 중화능이 유효한 것으로 봄.

### 3. 국내 인플루엔자 바이러스 특성

국내에서 발생한 인플루엔자 바이러스의 HA 유전자 서열을 분석한 결과, A(H1N1)pdm09의 경우 백신주인 6B.1A.5a.2a.1과 유사한 계통인 6B.1A.5a.2a.1 (15.2%), 6B.1A.5a.2a (84.8%) 2가지 세부계통이 확인되었다. A(H3N2)는 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (100.0%)로 백신주의 하위 계통인 J 계열에 모두 포함되었다. B형은 Victoria 계열로 백신주와 동일한 V1A.3a.2 (100.0%) 계통으로 확인되었다. NA 및 PA 유전자 염기서열 분석을 통해 치료제 내성 변이 유무를 확인해 보았을 때, 치료제 내성에 영향을 주는 변이는 확인되지 않았다. 검체로부터 분리 배양한 바이러스에 oseltamivir (타미플루), zanamivir (리렌자), peramivir (페라미플루)를 처리하여 치료제 내성을 확인한 표현형 분석에서도 내성을 가지는 바이러스는 없는 것으로 확인되었다. 백신주를 접종한 족제비로부터 얻은 항혈청(World Health Organization 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(표 3).

## 논 의

2024-2025절기에 국내에서 검출된 호흡기바이러스의 유행 양상 및 인플루엔자 바이러스의 특성 분석을 수행하였다. 인플루엔자 바이러스가 15.2%로 검출률이 가장 높았고 리노

바이러스 15.0%, 코로나19 바이러스 9.7% 순으로 검출이 확인되었다. 인플루엔자 바이러스는 두 번의 유행이 있었는데, 첫 번째 시기는 A형이 주로 검출되었으며, (H1N1)pdm09가 유행을 주도하였다. 48주 이후 점진적으로 증가하다 1주에 62.9%의 최고 검출률을 나타내었다. 특히 A형 바이러스 유행 시기에는 50대 이상 장년층 및 65세 이상 고령층에서의 검출률이 상대적으로 증가하여 학령기(7-18세) 연령층과 유사하게 검출이 되었는데, 이는 코로나19 팬데믹 이후 가장 높은 검출률로 면역 방어능의 저하로 인해 감염 취약성이 높아졌기 때문이라고 추정된다[3]. 이후 B형 바이러스의 완만한 증가 추세를 보이며 17주에 28.8%의 검출률로 2차 유행이 발생한 것으로 확인되었다. B형 바이러스는 주로 학령기(7-18세) 연령층을 중심으로 유행하였고 이는 학교 및 교육기관 내 집단 생활이 호흡기 감염병 전파에 중요한 요인임을 시사한다[4]. 이러한 검출 양상은 3가지 아형의 바이러스가 동시에 유행했던 2023-2024절기 유행과 다른 양상으로 인플루엔자 바이러스는 과거의 유행 양상으로 예측하기보다 면밀한 모니터링으로 현재 유행 양상에 맞춘 방역 정책이 필요하며 이는 호흡기 병원체 감시의 중요성을 시사한다.

리노바이러스는 연중 검출되는 바이러스이지만 검출이 감소하는 시점에 인플루엔자 A형 바이러스가 유행하는 패턴을 보였다. 이는 리노바이러스의 감염이 항바이러스 방어를 자극하여 인플루엔자 A형 바이러스의 감염을 억제한다는 실험을 뒷받침하는 감시 결과로 향후 호흡기바이러스 유행 양상에 따라 전파를 예측하고 예방 전략을 설계할 수 있다[5]. 코로나

19 바이러스는 지난 절기와 유사하게 여름철에 유행이 시작되어 가을철에 가장 높은 검출률을 나타내었다.

인플루엔자 바이러스 검체로부터 전장유전체 서열을 확보하여 백신주 상동성 및 치료제 내성 변이 여부를 확인한 결과 국내에서 유행한 인플루엔자 바이러스는 2024-2025절기 백신주와 높은 상동성을 확인하였고 치료제 내성 변이는 확인되지 않았다. 또한 항바이러스 치료제에 대한 내성이 있는지 확인하기 위해 인플루엔자 분리주에 실제 약물을 처리하였을 때 내성이 있는 바이러스는 없는 것으로 확인되었다. 이는 인플루엔자 감염 환자들의 치료에 사용된 항바이러스제가 모두 효과적으로 작용했음을 알 수 있었다. 또한 항원형 역가가 모두 40 이상으로 백신주 혈청이 국내 분리주에 대해 중화능 효과가 있는 것으로 확인되어 2024-2025절기에 인플루엔자 백신 예방접종을 한 경우에는 바이러스 감염이 효과적으로 예방되었을 수 있음을 시사한다.

본 부서에서는 국내에서 유행하는 호흡기 병원체 감시를 통해 지역사회 호흡기 감염병 유행 양상을 파악하고 인플루엔자 특성 분석으로 당해연도 백신주의 유효성을 지속적으로 모니터링하며 다음 절기 백신주 선정을 위한 유전형 및 항원형 정보 생산으로 공중보건 대응 및 방역 정책 수립에 지속적으로 기여할 것이다.

## 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. Project administration: NJL, JER, EJK. Supervision: JER, EJK. Visualization: SHW, NJL, JHL. 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. 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.
3. Cadar AN, Martin DE, Bartley JM. Targeting the hallmarks of aging to improve influenza vaccine responses in older adults. *Immun Ageing* 2023;20:23.
4. Ryu S, Cowling BJ. Human influenza epidemiology. *Cold Spring Harb Perspect Med* 2021;11:a038356.
5. Wu A, Mihaylova VT, Landry ML, Foxman EF. Interference between rhinovirus and influenza A virus: a clinical data analysis and experimental infection study. *Lancet Microbe* 2020;1:e254-62.

## Surveillance Report

# Korea 2024–2025 Influenza and Respiratory Virus 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:** This study characterizes the detection patterns of respiratory viruses and the virological characteristics of influenza viruses in the Republic of Korea from week 36 of 2024 to week 35 of 2025, thereby contributing to evidence-based infection control policies and strengthening public health responses.

**Methods:** Respiratory specimens were collected from patients with influenza-like illness at sentinel medical institutions and tested at 18 regional Institutes of Health and Environment. Molecular assays were conducted to detect respiratory viruses, and the distribution of etiologic agents was subsequently analyzed. The influenza viruses were further characterized through genetic, antigenic, and antiviral-resistance analyses to assess their similarity to the vaccine strains and susceptibility to antiviral agents.

**Results:** Among specimens collected during the 2024–2025 season, influenza virus was the most frequently detected respiratory virus (15.2%), followed by rhinovirus (15.0%), severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (9.7%), parainfluenza virus (6.2%), adenovirus (4.9%), human metapneumovirus (4.8%), human coronavirus (4.7%), respiratory syncytial virus (3.6%), and human bocavirus (3.2%). The influenza virus subtypes included A(H1N1)pdm09 (39.6%), influenza B virus (36.8%), and A(H3N2) (23.6%). Circulating influenza viruses were genetically and antigenically similar to the 2024–2025 seasonal vaccine strains, and no antiviral-resistance mutations were detected.

**Conclusions:** The epidemiology of influenza and other respiratory viruses varies across seasons, underscoring the importance of continuous surveillance to inform infection control policies and strengthen public health preparedness. Through the Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System, our division will continue to monitor the circulation of respiratory viruses and the characteristics of influenza viruses and disseminate these findings on an ongoing basis.

**Key words:** Influenza; Respiratory viruses; Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System

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

## Introduction

Acute respiratory infectious diseases constitute a major

global public health concern, causing high morbidity and substantial healthcare burden. In particular, the influenza virus is a leading cause of outpatient visits and hospitalizations, and

### Key messages

#### ① What is known previously?

During the early phase of the 2023–2024 influenza season, influenza A(H1N1)pdm09 predominated, followed by influenza A(H3N2) and influenza B viruses.

#### ② What new information is presented?

During the early phase of the 2024–2025 influenza season, influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) cocirculated. As influenza A virus activity decreased, influenza B virus activity increased, resulting in two distinct epidemic waves that persisted throughout the mid-season.

#### ③ What are implications?

With continually evolving patterns of respiratory virus detection, sustained and enhanced pathogen surveillance is essential to enable timely monitoring and effective public health responses.

its epidemic scale and severity vary by season, underscoring the importance of systematic and continuous surveillance [1]. The Division of Emerging Infectious Diseases at the Korea Disease Control and Prevention Agency operates the Korea Respiratory Virus Integrated Surveillance System (K-RISS) to identify the etiological agents of circulating respiratory infectious diseases and to contribute to the establishment of prevention and control policies based on pathogen detection patterns. K-RISS compiles results for seven respiratory viruses—including influenza and coronavirus disease 2019 (COVID-19)—from specimens collected at 200 medical institutions nationwide (including 106 sentinel outpatient clinics, 59 secondary and tertiary hospitals, five specialized diagnostic institutions, and 30 long-term care hospitals). These viruses include rhinovirus, adenovirus, human bocavirus, human metapneumovirus, parainfluenza virus, respiratory syncytial virus, and human

coronavirus. The system provides information on national circulation patterns and generates evidence to support prevention and control policies and public health responses. In particular, the influenza virus, as a representative seasonal respiratory pathogen, exhibits high genetic variability and antigenic changes, necessitating continuous characterization. Therefore, K-RISS evaluates similarity to vaccine strains through genetic and antigenic analyses of influenza viruses and concurrently monitors antiviral resistance mutations to support vaccine policy and clinical treatment strategies. However, detection patterns of respiratory viruses, subtype distributions of influenza virus, and their genetic and antigenic characteristics vary each season, directly influencing epidemic scale and public health response strategies. Therefore, a comprehensive analysis of respiratory virus circulation and influenza virus characteristics for a specific season is critical for evaluating the effectiveness of the national surveillance system and guiding future response strategies. This report presents the epidemiological patterns of respiratory infectious diseases detected during the 2024–2025 season, along with the genetic, antigenic, and antiviral resistance characteristics of influenza viruses. This study aims to enhance the understanding of seasonal respiratory virus dynamics and contribute to the development of prevention and control policies and strengthened public health responses.

## Methods

### 1. Detection of Respiratory Viruses

During the 2024–2025 season, upper respiratory specimens were collected from patients with respiratory disease symptoms at sentinel surveillance medical institutions. The collected specimens were tested for influenza and eight

respiratory viruses using real-time reverse transcription polymerase chain reaction at 18 regional Institutes of Health and Environment nationwide. The results of these molecular assays were aggregated by our division to analyze national pathogen detection rates, and surveillance findings were disseminated weekly through the *Infectious Disease Sentinel Surveillance Weekly Report*.

## 2. Characterization of Influenza Viruses

RNA extracted from influenza-positive specimens was subjected to next-generation sequencing to obtain full genetic sequences. Hemagglutinin (HA) phylogenetic analysis was performed to assess similarity to vaccine strains, while neuraminidase (NA) and polymerase acidic (PA) gene analyses were conducted to identify antiviral resistance-associated mutations.

For virus isolation, A(H1N1)pdm09 and influenza B-positive specimens were inoculated into Madin–Darby canine kidney (MDCK) cells, whereas A(H3N2)-positive specimens were inoculated into MDCK-SIAT1 cells. Isolated viruses were then analyzed for phenotypic resistance to antiviral agents (oseltamivir, zanamivir, and peramivir) and for antigenic characteristics using neutralization assays with vaccine strain antisera (hemagglutination inhibition assay or focus reduction assay) [2].

## Results

### 1. Detection Status of Influenza Viruses

Among the specimens collected during the 2024–2025 season, the influenza virus was detected in 15.2% of cases. Among influenza-positive specimens, subtype distribution was as follows: A(H1N1)pdm09, 39.6%; influenza B (Victoria lineage), 36.8%; and A(H3N2), 23.6% (Table 1). Influenza A virus activity began to increase from week 48 of 2024 and peaked in week 1 of 2025 at 62.9%, representing a ~20% increase compared with the 2023–2024 season. During periods when influenza A predominated, transmission was observed mainly among school-aged children (7–12 years), as well as among adults aged ≥50 years. A second epidemic wave was observed in the spring, primarily among school-aged individuals (7–18 years), during which the influenza B virus was predominantly detected (Figure 1). During the 2024–2025 season, influenza virus detection by age group was highest among individuals aged 13–18 years (27.3%), followed by those aged 7–12 (23.0%), 19–49 (18.2%), 50–64 (15.9%), ≥65 (10.1%), and 0–6 years (5.6%) (Figure 2).

### 2. Detection Status of Respiratory Viruses

During the 2024–2025 season, influenza virus was the most frequently detected (15.2%), followed by rhinovirus (15.0%), severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) (9.7%), parainfluenza virus (6.2%), adenovirus (4.9%), human metapneumovirus (4.8%), human coronavirus

**Table 1.** Detection rates of influenza viruses in the Republic of Korea

Season	Number of specimens	Detection rate (%)			
		Total	A(H1N1)pdm09	A(H3N2)	B(Victoria)
2024–2025	17,091	15.2	39.6	23.6	36.8

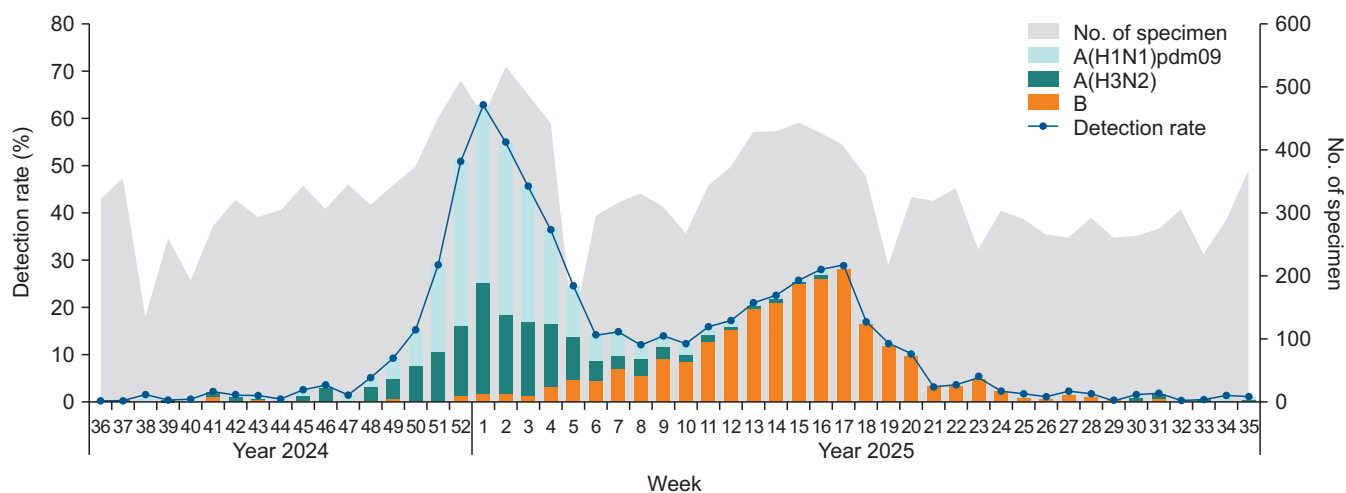


Figure 1. Weekly influenza virus detection in the Republic of Korea during the 2024–2025 season

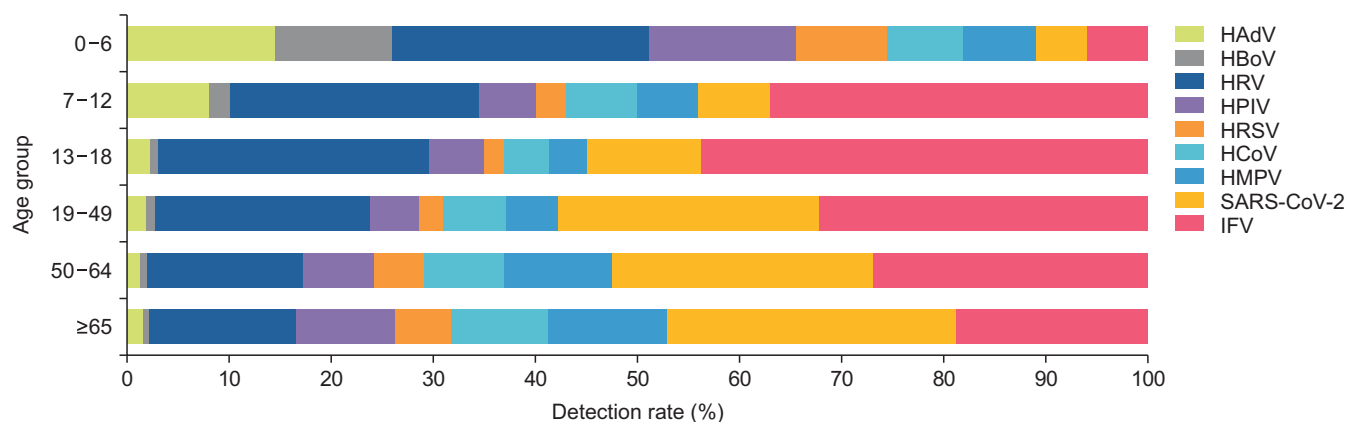


Figure 2. Respiratory virus detection in the Republic of Korea by age group during the 2024–2025 season

HAdV=human adenovirus; HBoV=human bocavirus; HRV=human rhinovirus; HPIV=human parainfluenza virus; HRSV=human respiratory syncytial virus; HCoV=human coronavirus; HMPV=human metapneumovirus; SARS-CoV-2=severe acute respiratory syndrome coronavirus 2; IFV=influenza virus.

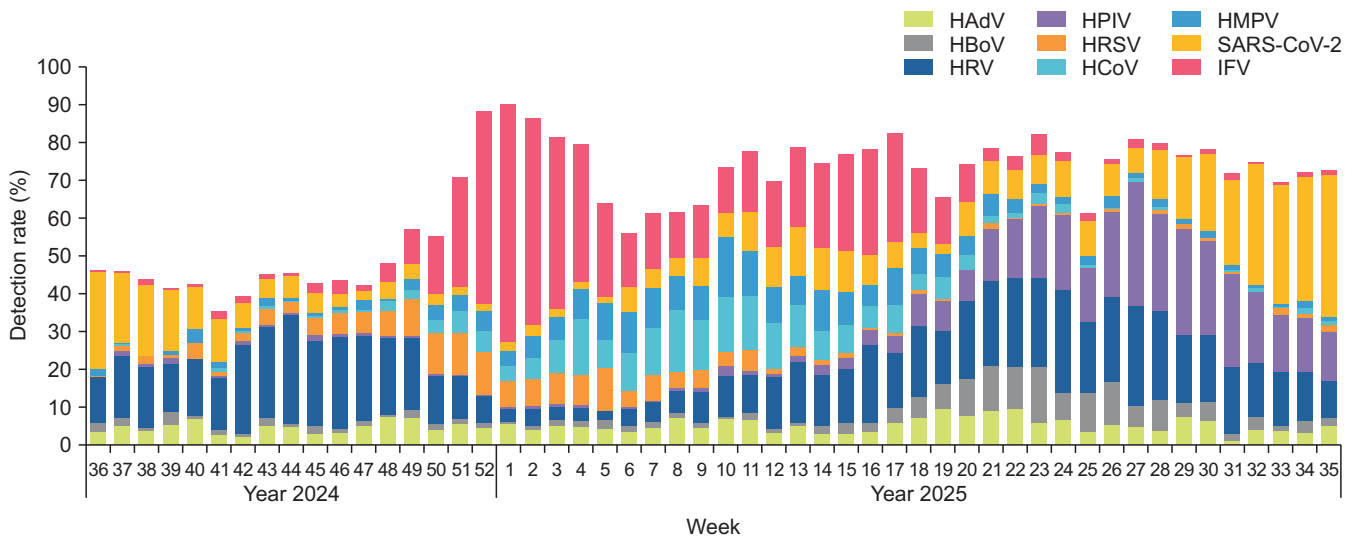
Table 2. Detection rates of respiratory viruses in the Republic of Korea

Season	Detection rate (%)								
	Influenza	Rhinovirus	SARS-CoV-2	Parainfluenza virus	Adenovirus	Metapneumo-virus	Human coronavirus	Respiratory syncytial virus	Bocavirus
2024–2025	15.2	15.0	9.7	6.2	4.9	4.8	4.7	3.6	3.2

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

(4.7%), respiratory syncytial virus (3.6%), and human bocavirus (3.2%) (Table 2). Rhinovirus showed a consistently high detection rate of over 20% throughout the year, but decreased to below 10% during periods when influenza A virus was

prevalent. SARS-CoV-2 detection increased during the summer and peaked at 37.7% in week 35 of 2025 (Figure 3). By age group, the influenza virus was most frequently detected in all age groups except among children aged 0–6 years and



**Figure 3.** Weekly respiratory virus detection in the Republic of Korea during the 2024–2025 season

HAdV=human adenovirus; HBoV=human bocavirus; HRV=human rhinovirus; HPIV=human parainfluenza virus; HRSV=human respiratory syncytial virus; HCoV=human coronavirus; HMPV=human metapneumovirus; SARS-CoV-2=severe acute respiratory syndrome coronavirus 2; IFV=influenza virus.

**Table 3.** Genetic, antigenic, and antiviral-resistance characteristics of influenza viruses in the Republic of Korea during the 2024–2025 season

Virus	Clade of 2024–2025 season vaccine strain	Korea influenza virus in the 2024–2025 season		
		Genotype	Drug resistance	Antibody titer <sup>a)</sup>
A(H1N1)pdm09	6B.1A.5a.2a.1	6B.1A.5a.2a (84.8%)	Sensitive	160–640
		6B.1A.5a.2a.1 (15.2%)		
A(H3N2)	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1(J) (100.0%)	Sensitive	80–320
B(Victoria)	V1A.3a.2	V1A.3a.2 (100.0%)	Sensitive	80–320

<sup>a)</sup>Neutralization capacity is effective when the titer is >40.

adults aged ≥65 years, in whom rhinovirus (23.4%) and SARS-CoV-2 (15.3%) were most frequently detected, respectively (Figure 2).

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

Analysis of HA gene sequences of influenza viruses circulating in the Republic of Korea (ROK) showed that A(H1N1)pdm09 viruses belonged to two subclades: 6B.1A.5a.2a.1 (15.2%), which is similar to the vaccine strain, and 6B.1A.5a.2a (84.8%). All A(H3N2) viruses were classified

as 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (100.0%), belonging to the J subclade of the vaccine strain. Influenza B viruses were identified as belonging to the Victoria lineage, specifically the V1A.3a.2 (100.0%) clade, which was identical to the vaccine strain. Upon analysis of NA and PA gene sequences to determine the presence of antiviral resistance mutations, no mutations affecting antiviral resistance were identified. During phenotypic analyses, antiviral agents (oseltamivir, zanamivir, and peramivir) were applied to viruses isolated from specimens, and no resistant viruses were identified. Analysis of the neutralizing capacity of antiserum (provided by the World Health Organization)

obtained from vaccinated weasels against isolates in the ROK confirmed that the vaccine antiserum was effective against domestic isolates, with neutralizing titers of  $>40$  for all subtypes (A(H1N1)pdm09 160–640, A(H3N2) and B 80–320) (Table 3).

## Discussion

This study analyzed the circulation patterns of respiratory viruses and the characteristics of influenza viruses detected in the ROK during the 2024–2025 season. Influenza virus showed the highest detection rate (15.2%), followed by rhinovirus (15.0%) and SARS-CoV-2 (9.7%). Two epidemic waves of influenza were observed. In the first wave, influenza A viruses predominated, with A(H1N1)pdm09 driving the epidemic. Detection rates increased gradually after week 48 of 2024 and peaked at 62.9% in week 1 of 2025. In particular, during the influenza A epidemic, detection rates increased among middle-aged ( $\geq 50$  years) and older adults ( $\geq 65$  years), showing patterns similar to those in school-aged individuals (7–18 years). This detection rate was the highest since the COVID-19 pandemic and is presumed to reflect increased susceptibility due to reduced immune protection [3]. Subsequently, a gradual increase in influenza B virus activity led to a second epidemic wave, peaking at 28.8% in week 17 of 2025. Influenza B virus circulation was primarily concentrated among school-aged individuals (7–18 years), suggesting that group settings such as schools and educational institutions play an important role in the transmission of respiratory infections [4]. This pattern differs from the 2023–2024 season, during which three influenza subtypes circulated simultaneously. These findings indicate that influenza epidemics should not be predicted

solely based on past patterns; rather, close monitoring is necessary to inform timely and appropriate prevention and control policies, highlighting the importance of respiratory pathogen surveillance.

Rhinovirus, although detected year-round, showed decreased detection during periods of influenza A virus circulation. These surveillance results support experimental findings that rhinovirus infection may stimulate antiviral defenses that suppress influenza A virus infection, suggesting potential implications for predicting transmission patterns and designing prevention strategies [5]. SARS-CoV-2 exhibited a seasonal pattern similar to the previous season, with increased circulation beginning in summer and peaking in autumn.

Analysis of whole-genome sequences obtained from influenza virus specimens to assess similarity to vaccine strains and the presence of antiviral resistance mutations showed that influenza viruses circulating in the ROK had high similarity to the 2024–2025 seasonal vaccine strains, and no antiviral resistance mutations were identified. In addition, when antiviral agents were applied to influenza isolates to assess phenotypic resistance, no resistant viruses were identified. These findings indicate that antiviral agents used for the treatment of influenza patients were effective. Furthermore, as antigenic titers were  $\geq 40$  for all subtypes, vaccine strain antisera were confirmed to exhibit effective neutralizing activity against circulating isolates, suggesting that influenza vaccination during the 2024–2025 season may have effectively prevented viral infection.

Through surveillance of respiratory pathogens circulating in the ROK, our division will continue to monitor community-level patterns of respiratory infectious diseases and assess the effectiveness of seasonal vaccine strains through influenza virus characterization. By generating genetic and antigenic data to

inform vaccine strain selection for subsequent seasons, we will continue to contribute to public health responses and the establishment of prevention and control policies.

## 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. Project administration: NJL, JER, EJK. Supervision: JER, EJK. Visualization: SHW, NJL, JHL. 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. 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.
3. Cadar AN, Martin DE, Bartley JM. Targeting the hallmarks of aging to improve influenza vaccine responses in older adults. *Immun Ageing* 2023;20:23.
4. Ryu S, Cowling BJ. Human influenza epidemiology. *Cold Spring Harb Perspect Med* 2021;11:a038356.
5. Wu A, Mihaylova VT, Landry ML, Foxman EF. Interference between rhinovirus and influenza A virus: a clinical data analysis and experimental infection study. *Lancet Microbe* 2020;1:e254-62.