



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2023-2024

Settimana 2024 – 06
dal 5 all'11 febbraio 2024

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 6/2024 (5-11 febbraio 2024), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica RespiVirNet ([Protocollo Operativo RespiVirNet per la stagione 2023-2024](#)), ed elaborati dal Centro Nazionale OMS per l'influenza, presso il Dipartimento Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità (NIC/ISS).

In Evidenza

- Durante la settimana 6/2024, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **10,3%**, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (13%).
- Tra i **virus influenzali**, quelli di tipo **A** risultano largamente **prevalenti** (97,7%) rispetto ai virus di tipo **B** e appartengono per la maggior parte al sottotipo **H1N1pdm09**.
- Tra i campioni analizzati, **386 (13,1%)** sono risultati positivi per **RSV**, **62 (2,1%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 295 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 133 Rhinovirus, 55 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 42 Metapneumovirus, 31 Adenovirus, 17 Bocavirus e 17 virus Parainfluenzali.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 6 (8,08 casi per mille assistiti, come riportato nel Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 16/02/2024), tra cui prevalgono i virus influenzali, RSV, SARS-CoV-2 e Rhinovirus.
- In questo rapporto, viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sul gene codificante l'emagglutina (HA) di virus influenzali A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia nella stagione in corso (Figura 8).

ITALIA

Durante la settimana 6/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.942** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **304 (10,3%)** sono risultati positivi per **influenza**, 252 di tipo **A** (157 di sottotipo **H1N1pdm09**, 19 **H3N2** e 76 non ancora sottotipizzati) e 52 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 6.716 ceppi di tipo **A** (97,7%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 161 di tipo **B** (2,3%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 386 (13,1%) sono risultati positivi per **RSV**, 62 (2,1%) per **SARS-CoV-2**, mentre 295 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 133 **Rhinovirus**, 55 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 42 Metapneumovirus, 31 Adenovirus, 17 Bocavirus e 17 virus Parainfluenzali (Tabella 2b).

Durante la settimana 6/2024 il laboratorio di Perugia ha segnalato 3 diagnosi di **Mycoplasma pneumoniae** in pazienti ospedalizzati, una delle quali in coinfezione con virus Parainfluenzale.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 6 (8,08 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 16/02/2024*), tra cui prevalgono i virus influenzali, RSV, SARS-CoV-2 e Rhinovirus (Figure 4, 5, 6).

In figura 7, viene riportata la distribuzione dei campioni positivi per i diversi virus respiratori sotto monitoraggio, per fascia di età.

Tabella 1 Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato dati riguardanti le indagini di laboratorio nella 6^a settimana del 2024

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	S.Menzo
AOSTA	AO "Umberto Parini"	M. Di Benedetto
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
COSENZA	AO "Annunziata"	F. Greco
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
GENOVA	UNIVERSITA'	G. Icardi
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
MILANO	ASST FBF Sacco	M.R. Gismondo
PADOVA	UNIVERSITA'	A. Dei Tos
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Vitale
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni, M.E. Colucci

PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
PESCARA	PO "Santo Spirito"	P. Fazii
PISA	AO Universitaria Pisana	M. L. Vatteroni
POTENZA	AOR "San Carlo"	A. Picerno
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	S. Rubino
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	F. Barbone

Tabella 2

a) Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei **virus influenzali** circolanti in Italia
(a partire dalla settimana 46/2023)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	TOT
FLU A	22	51	117	162	494	797	1171	1137	955	693	498	367	252	6.716
A	0	0	2	11	28	66	198	237	161	148	111	81	76	1.119
A(H3N2)	3	3	5	2	7	23	22	35	32	22	21	23	19	217
A(H1N1)pdm2009	19	48	110	149	459	708	951	865	762	523	366	263	157	5.380
FLU B	0	4	2	2	7	8	9	8	7	15	23	24	52	161
TOT POSITIVI	22	55	119	164	501	805	1180	1145	962	708	521	391	304	6.877*

*Su un totale di 37.623 campioni clinici ricevuti dai Laboratori

N.B. I dati indicati sono da considerarsi in fase di consolidamento e possono pertanto subire fluttuazioni nel corso della stagione di sorveglianza

b) Identificazioni di **altri virus respiratori** in Italia (a partire dalla settimana 46/2023)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	TOT
SARS-CoV-2	182	333	418	402	521	438	350	344	219	163	126	75	62	3633
Adenovirus	45	33	40	36	52	38	42	36	39	18	36	43	31	489
Bocavirus	0	1	3	5	3	3	7	7	14	10	11	19	17	100
Coronavirus (no SARS-CoV2)	11	10	17	25	25	24	30	30	42	30	54	60	55	413
Metapneumovirus	3	3	7	6	10	13	12	13	17	16	17	28	42	187
Rhinovirus	162	175	171	128	150	147	88	91	113	101	125	107	133	1691
RSV	34	57	101	118	170	224	262	272	300	321	438	419	386	3102
Virus Parainfluenzali	15	11	13	12	14	17	16	8	5	14	7	7	17	156
TOT POSITIVI	452	623	770	732	945	904	807	801	749	673	814	758	743	9.771

N.B. I dati indicati sono da considerarsi in fase di consolidamento; si sottolinea inoltre che: i) in caso di trasmissione di più campioni con lo stesso risultato, relativi a un singolo paziente in una data settimana, questo viene conteggiato una sola volta; ii) un campione viene considerato positivo per un dato virus qualora risulti positivo a quel virus almeno in un singolo invio.

Figura 1 Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato i dati e le positività al **virus influenzale** nella 6^a settimana del 2024

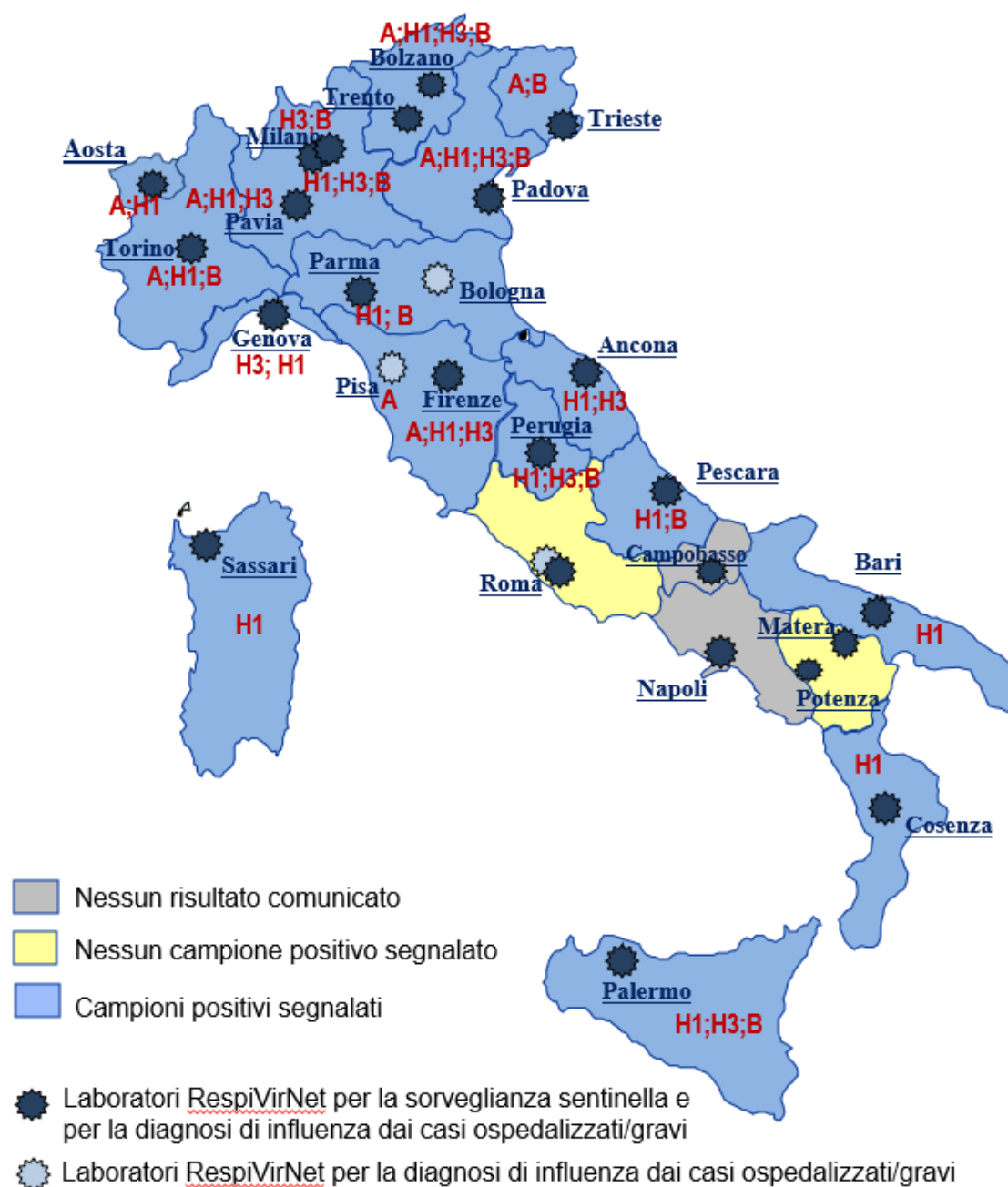


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2023-2024, rispetto alla stagione 2022-2023

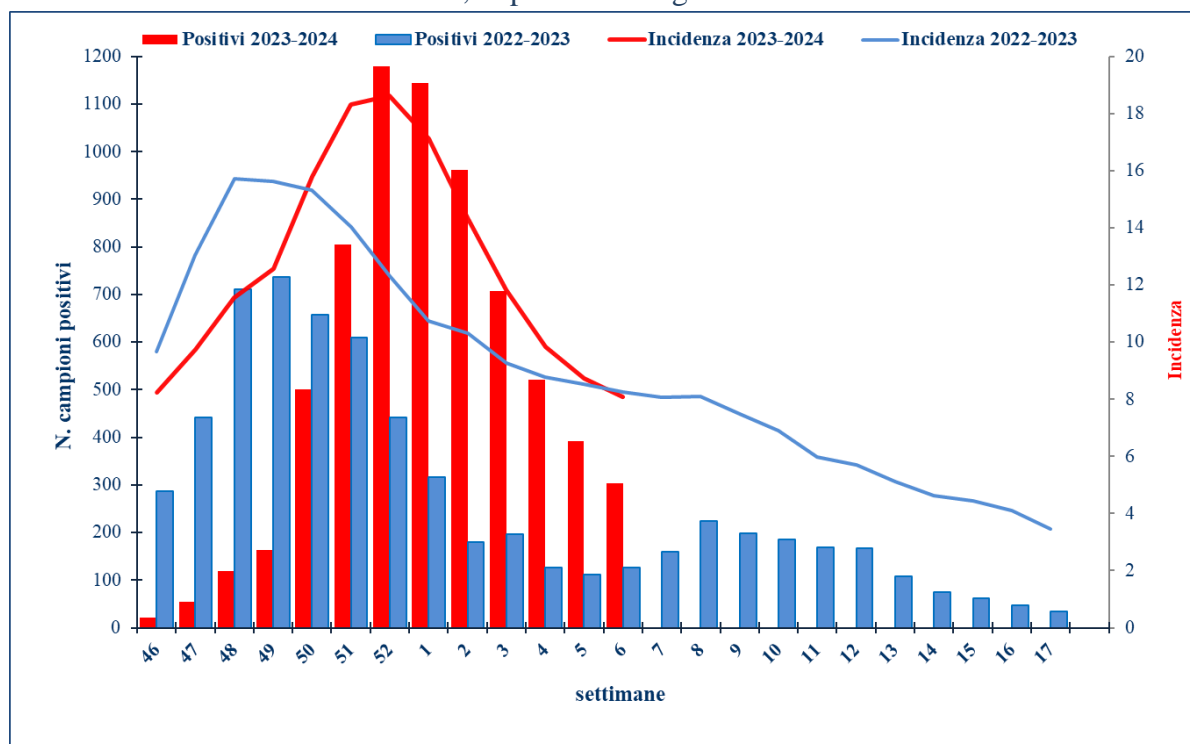


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2023-2024)

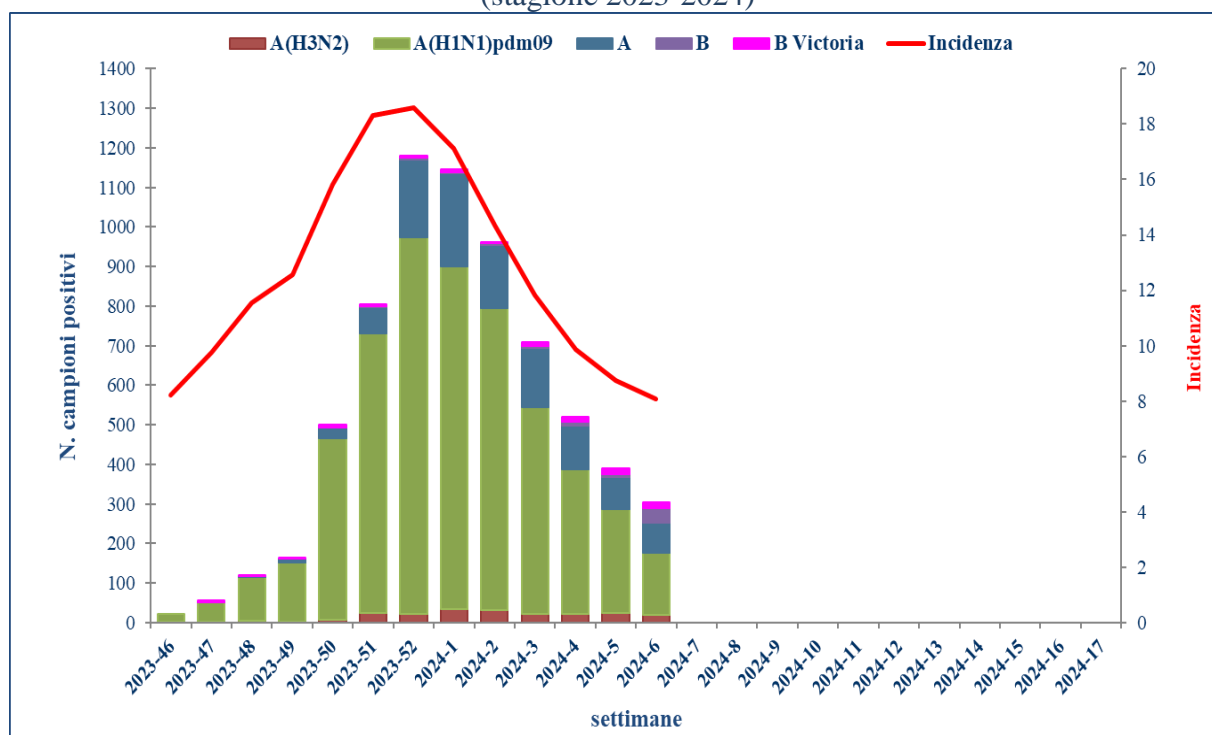
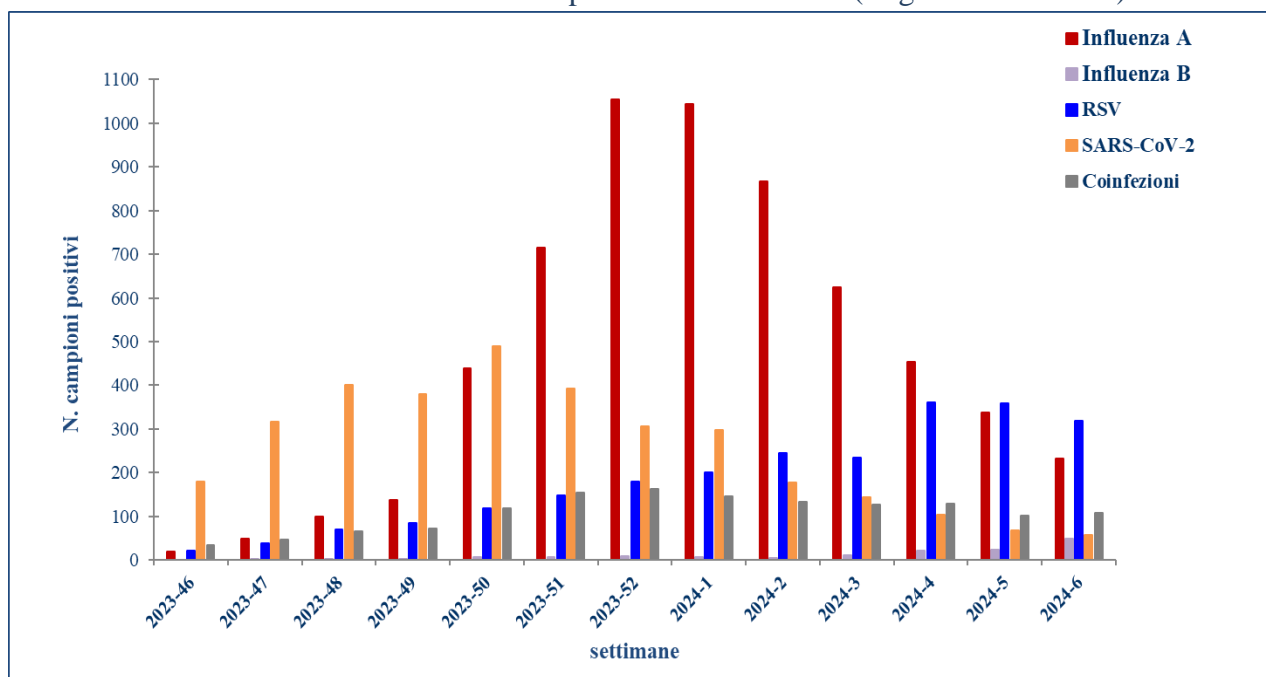


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (tipo A e B), **RSV** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2023-2024)



N.B. Le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2023-2024)

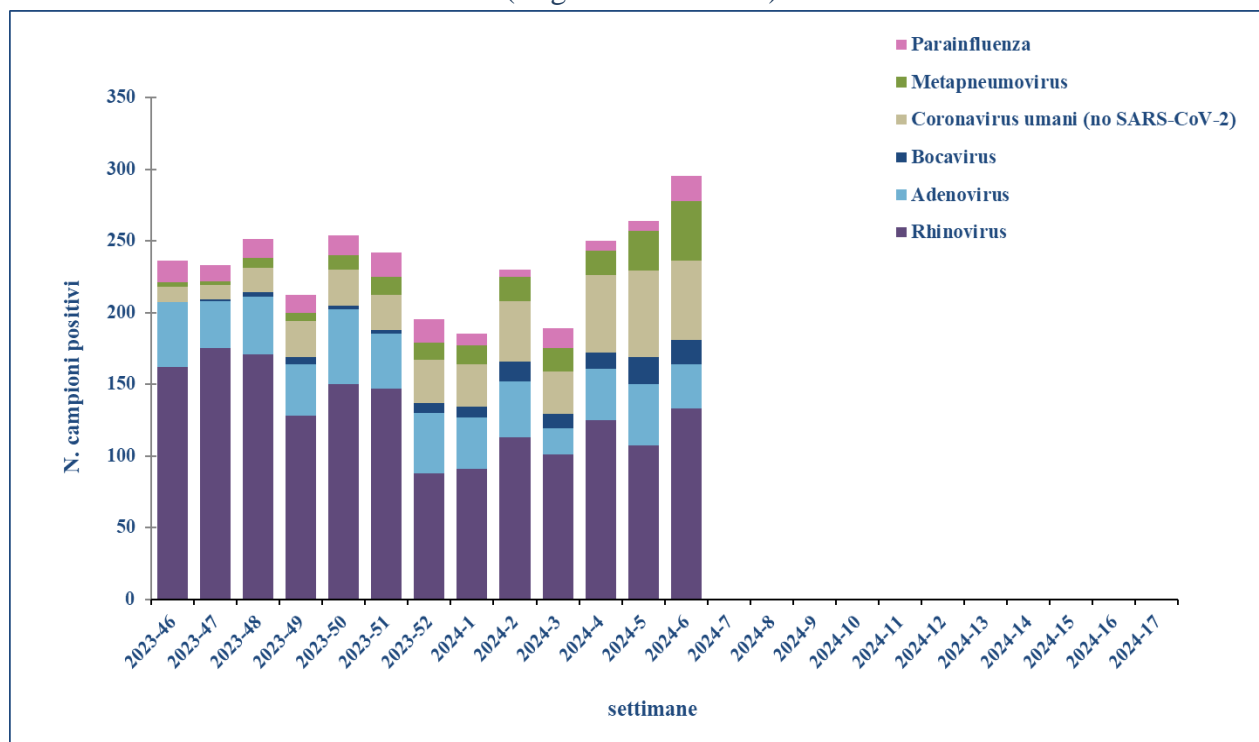
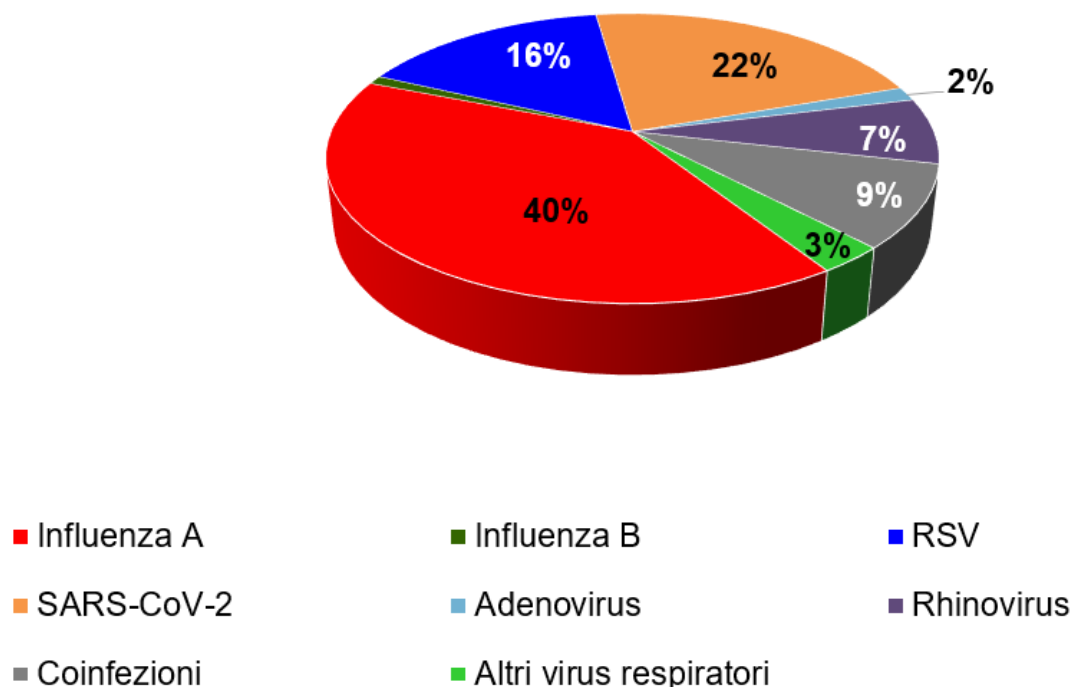


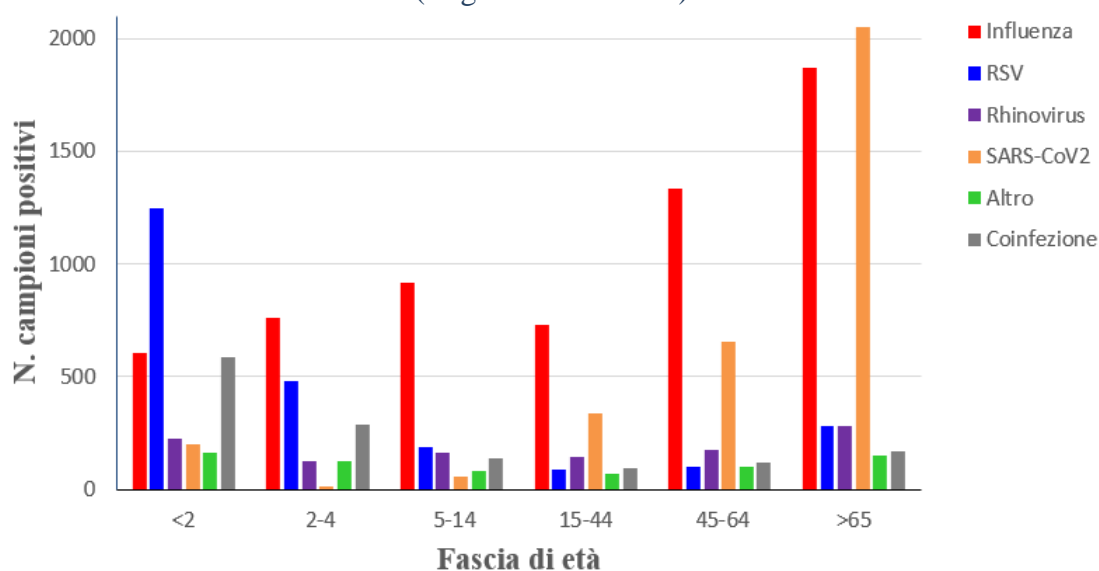
Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio
(settimane 46/2023-06/2024)



Altri virus respiratori: Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali

N.B. Le proporzioni indicate sono da considerarsi in fase di consolidamento

Figura 7 Campioni positivi per fascia di età e tipo di virus
(stagione 2023-2024)



*Altro: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali;
le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo*

Analisi filogenetica di virus influenzali A(H1N1)pdm09 identificati in Italia nella stagione in corso 2023-2024

La stagione influenzale 2023-2024 in Italia è caratterizzata, alla data di stesura del presente rapporto, da una predominante circolazione di virus di tipo A (97,7% dei campioni risultati positivi all'influenza). Nell'ambito dei virus A finora sottotipizzati, il 96% è risultato appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e il 4% al sottotipo H3N2. Tra i virus B per i quali è stato determinato il lineaggio (53% dei virus B identificati finora in Italia), tutti sono risultati B/Victoria.

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei virus influenzali **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia (Figura 8), hanno evidenziato l'appartenenza dei ceppi analizzati a due gruppi genetici principali:

- *clade 6B.1A.5a.2a*, definito dalle sostituzioni aminoacidiche K54Q, A186T, E224A, R259K, K308R (ceppo di riferimento **A/Sydney/5/2021**);
- *clade 6B.1A.5a.2a.1*, definito dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive P137S, K142R, D260E, T277A, T216A (ceppo di riferimento vaccinale **A/Victoria/4897/2022**).

La maggior parte dei virus finora analizzati si raggruppa nel *clade* 6B.1A.5a.2a (66%), come riportato anche da altri [paesi europei](#). Tutti i virus appartenenti a questo *clade* condividono la sostituzione aminoacidica I418V e si suddividono in ulteriori 3 sottogruppi caratterizzati da cambiamenti aminoacidici aggiuntivi, quali ad esempio: i) V47I e I96T; ii) K169Q; iii) P137S.

Nell'ambito del *clade* 6B.1A.5a.2a.1, tutti i virus confluiscono nel gruppo genetico rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 (inserito nella composizione vaccinale per la stagione 2023-2024 nell'emisfero Nord), suddividendosi principalmente in 2 sottogruppi, uno caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive R113K e V417I, l'altro dalla sostituzione R45K.

Figura 8. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus influenzali A(H1N1)pdm09 identificati in Italia durante la stagione 2023-2024 (analisi effettuate presso il NIC-ISS)

Ceppi vaccinali (stagione 2023/2024)

Ceppi di riferimento

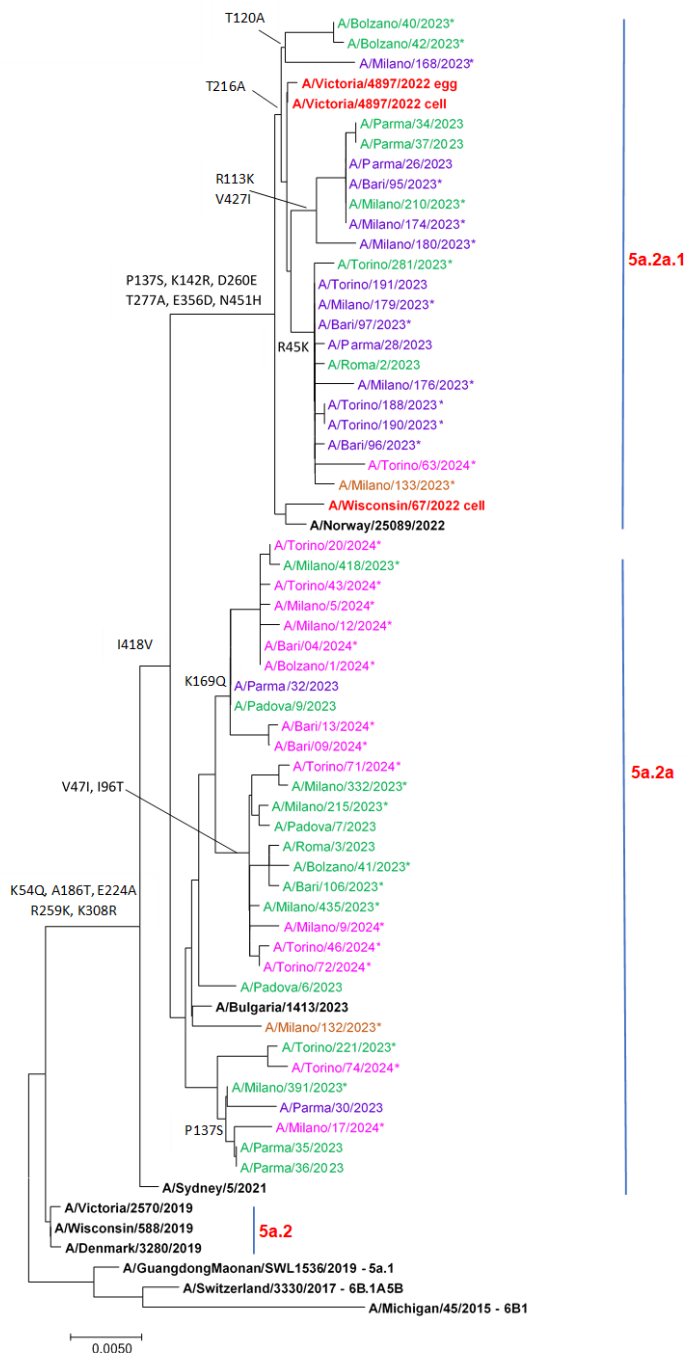
Date di raccolta:

Ottobre 2023

Novembre 2023

Dicembre 2023

Gennaio 2024



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

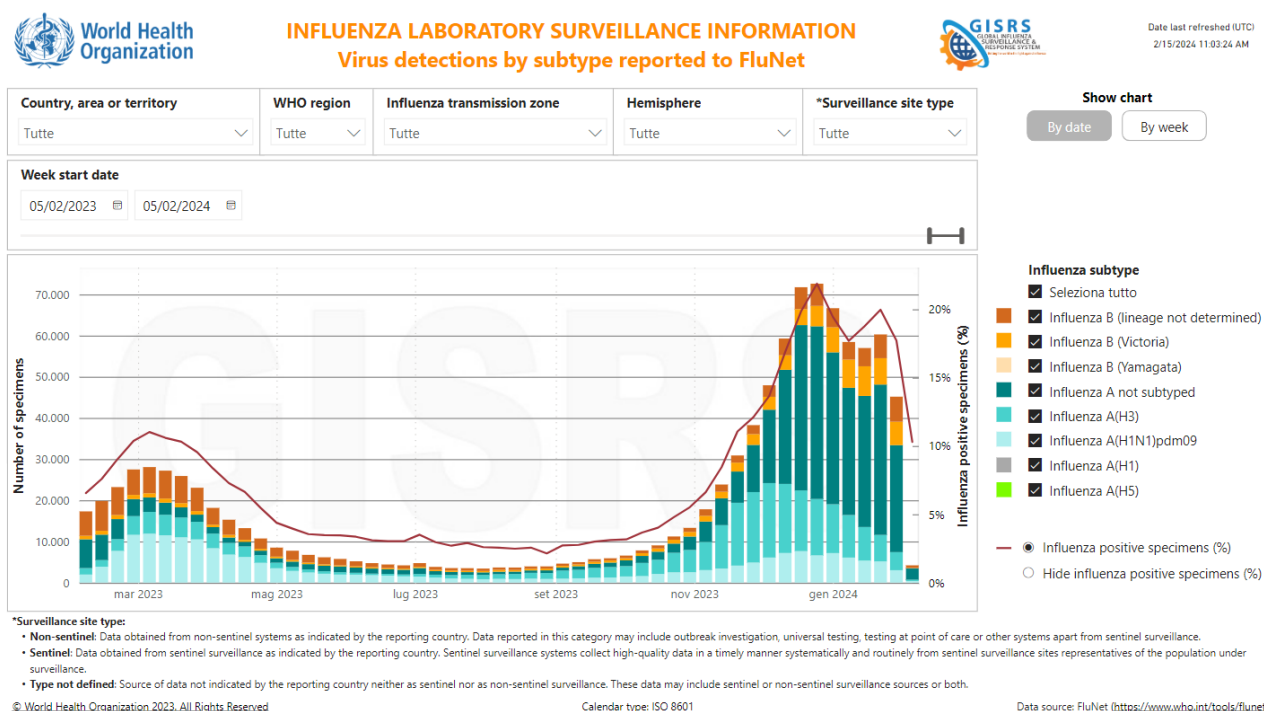
Globalmente le identificazioni di virus influenzali risultano in diminuzione, sebbene molti paesi dell'emisfero Nord continuino a segnalare una elevata attività dei virus influenzali.

In Nord America le identificazioni di virus influenzali, prevalentemente associate al sottotipo A(H1N1)pdm09, restano elevate ma risultano in diminuzione.

In Europa si continua a registrare una elevata attività dei virus influenzali, prevalentemente associata al sottotipo A(H1N1)pdm09.

Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, l'attività dei virus influenzali è bassa.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 6^a settimana di sorveglianza del 2024.



USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali resta elevata. La maggior parte delle identificazioni viene attribuita ai virus A(H1N1)pdm09.

In particolare, nella settimana 5/2024, sono stati testati **2.790** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica che spesso ricevono campioni già risultati positivi per influenza dai laboratori clinici e pertanto la percentuale di positività non è considerata indicativa dell'attività influenzale. Degli 819 campioni risultati positivi al virus influenzale, 623 (76,1%) appartengono al tipo A, con il sottotipo H1N1pdm09 prevalente (67,5%) e 196 al tipo B (23,9%), 99 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 5	Data Cumulative since October 1, 2023 (Week 40)
No. of specimens tested	2,790	68,366
No. of positive specimens	819	21,004
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	623 (76.1%)	17,303 (82.4%)
Subtyping Performed	400 (64.2%)	13,955 (80.7%)
(H1N1)pdm09	270 (67.5%)	10,972 (78.6%)
H3N2	130 (32.5%)	2,983 (21.4%)
H3N2v	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Subtyping not performed	223 (35.8%)	3,348 (19.3%)
Influenza B	196 (23.9%)	3,701 (17.6%)
Lineage testing performed	99 (50.5%)	2,949 (79.7%)
Yamagata lineage	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Victoria lineage	99 (100%)	2,949 (100%)
Lineage not performed	97 (49.5%)	752 (20.3%)

Il CDC riporta che nell'ambito dei 1.725 ceppi virali, raccolti a partire dal 1° ottobre 2023, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 590/815 (72,4%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 225 al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Centosette ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e tutti hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo di riferimento A/Wisconsin/67/2022-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2023/2024 nell'Emisfero Nord.
- 455/458 (99,3%) ceppi H3N2 geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1b.2a, rappresentato dal ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021 ed in particolare al sottogruppo genetico 3C.2a1b.2a.3a.1. Un sottogruppo di 110 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico ed hanno mostrato tutti una buona reattività sia verso il ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2023/2024 nell'Emisfero Nord.
- 452 sono i virus di tipo B analizzati, tutti appartenenti al lineaggio Victoria.

Tutti i ceppi Victoria sono risultati filogeneticamente appartenenti al *clade* V1A, in particolare al *sub-clade* V1A.3a.2, a cui appartiene il ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021. Dal punto di vista antigenico, 61 virus B/Victoria sono stati finora analizzati e sono risultati correlati al suddetto ceppo vaccinale, sia propagato in uova embrionate di pollo che in cellula.

Per ulteriori informazioni relativo al quadro complessivo statunitense, si rimanda al report settimanale del [CDC](#).

EUROPA

Nella settimana 5/2024 continua a registrarsi, nella maggior parte dei paesi europei, un elevato tasso di ILI e/o ARI (infezioni respiratorie acute) nella popolazione.

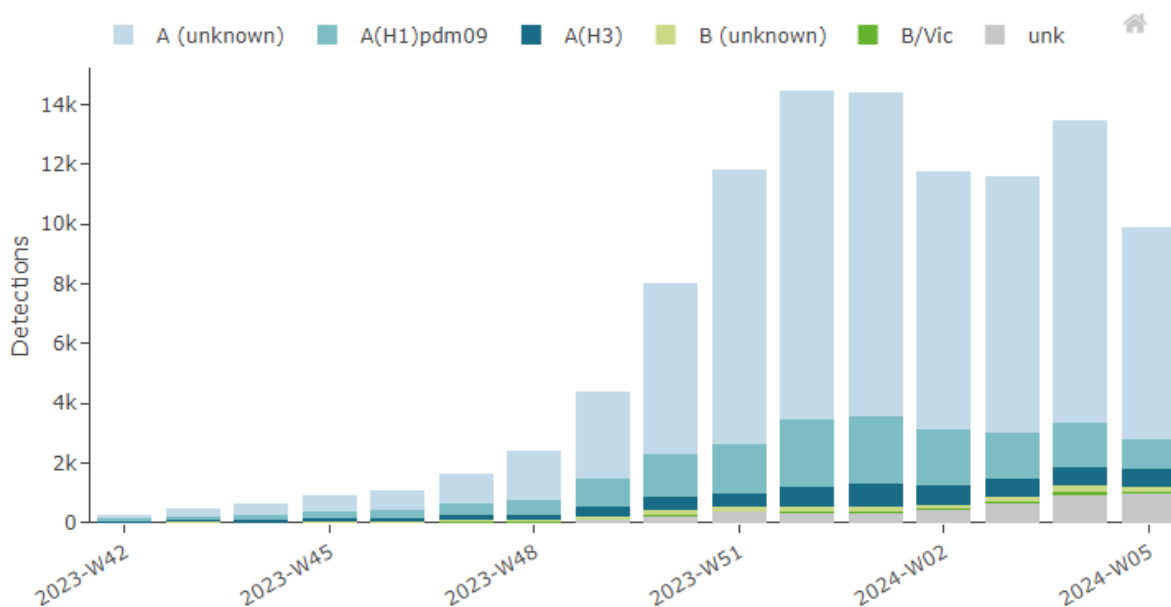
La circolazione dei **virus influenzali** stagionali si mantiene a livelli elevati, mentre risulta in diminuzione sia per **SARS-CoV-2** che **RSV**, sebbene per questi ultimi l'andamento sia variabile nei diversi paesi.

Nella 5^a settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **8.905** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 8.699 (97,7%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 1.583 virus sottotipizzati, 1.009 (63,7%) sono risultati A(H1)pdm09 e 574 (36,3%) A(H3).
- 206 (2,3%) virus sono risultati appartenere al tipo B, 13 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

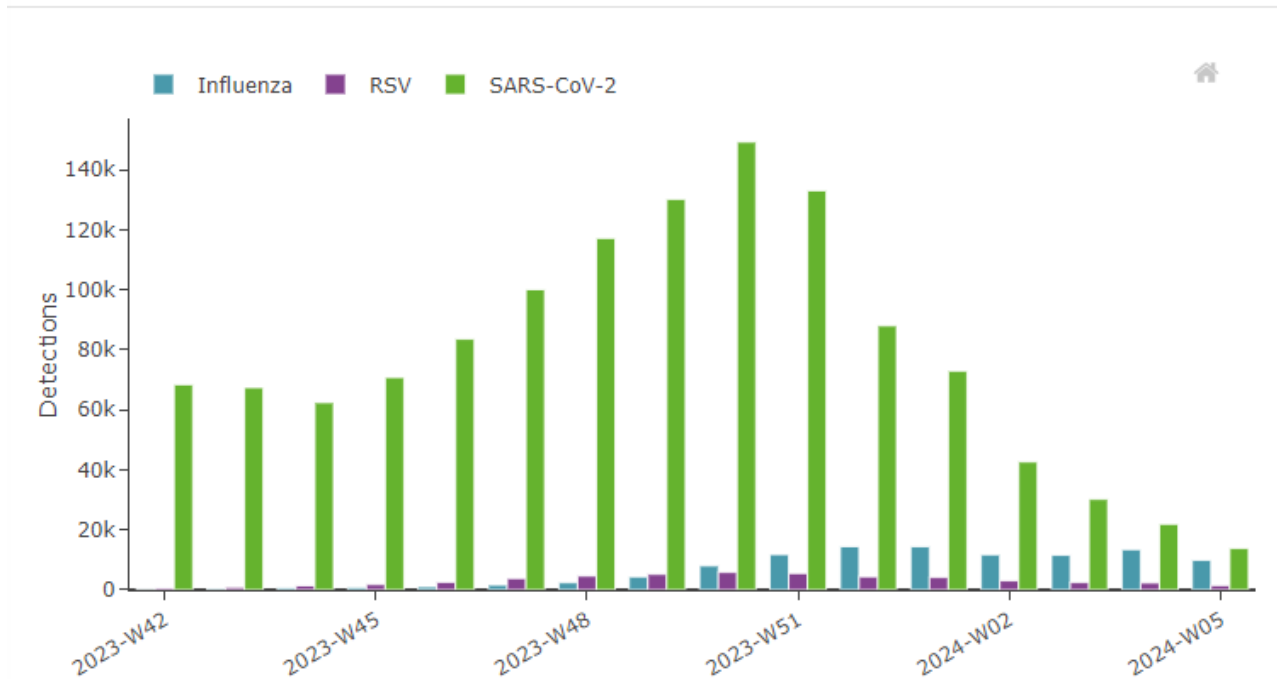
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2023/2024

Aggregate weekly detections



*Andamento settimanale delle identificazioni di campioni positivi per Influenza, RSV e SARS-CoV-2
settimana (ERVISS), stagione 2023/2024*

Aggregate weekly detections



Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali [dello European Respiratory Virus Surveillance Summary \(ERVISS\)](#).

L'elaborazione dei dati e la realizzazione del rapporto sono a cura della dott.ssa S. Puzelli, della dott.ssa E. Giombini e del gruppo di lavoro del NIC/ISS (M. Facchini, G. Di Mario, S. Piacentini, A. Di Martino, C. Fabiani, L. Calzoletti), in collaborazione con la Dott.ssa P. Stefanelli e con la Prof.ssa A.T. Palamara (Dipartimento Malattie Infettive-ISS). La Sorveglianza virologica RespiVirNet è realizzata in collaborazione con il Ministero della Salute.

Si ringraziano tutti i Referenti dei Laboratori della rete RespiVirNet, i Referenti Regionali e i Medici Sentinella che hanno contribuito alle attività del sistema di sorveglianza.