



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2023-2024

Settimana 2024 – 08
dal 19 al 25 febbraio 2024

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 8/2024 (19-25 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 8/2024, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **5,9%**, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (7,9%).
- Dall'inizio della stagione, i **virus influenzali di tipo A** risultano largamente **prevalenti** (96%) rispetto ai virus di **tipo B** e appartengono per la maggior parte al sottotipo **H1N1pdm09**.
- Tra i campioni analizzati della settimana 8/2024, **221 (8,7%)** sono risultati positivi per **RSV**, **39 (1,5%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 274 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 109 Rhinovirus, 54 Metapneumovirus, 47 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 42 Adenovirus, 12 virus Parainfluenzali e 10 Bocavirus.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 8 (6,7 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 01/03/2024*), tra cui prevalgono in particolare RSV, virus influenzali e Rhinovirus.
- In questo report viene inclusa una sintesi del comunicato relativo alle raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2024/2025 (emisfero Nord) (pag.13).

ITALIA

Durante la settimana 8/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.520** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **149 (5,9%)** sono risultati positivi per **influenza**, 98 di tipo **A** (60 di sottotipo **H1N1pdm09**, 15 **H3N2** e 23 non ancora sottotipizzati) e 51 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 7.004 ceppi di tipo A (96%), prevalentemente appartenenti al sottotipo H1N1pdm09, e 282 di tipo B (4%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 221 (8,7%) sono risultati positivi per **RSV**, 39 (1,5%) per **SARS-CoV-2**, mentre 274 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 109 **Rhinovirus**, 54 Metapneumovirus, 47 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 42 Adenovirus, 12 virus Parainfluenzali e 10 Bocavirus (Tabella 2b).

Durante la settimana 8/2024 non sono state segnalate diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 8 (6,7 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 01/03/2024*), tra cui prevalgono in particolare RSV, virus influenzali 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 8^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
CAMPOBASSO	AO "A. Cardarelli"	M. Scutellà
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	07	08	TOT
FLU A	22	51	117	162	494	797	1.171	1.137	957	695	499	369	269	166	98	7.004
A	0	0	2	10	28	61	198	235	151	107	77	54	37	34	23	1.017
A(H3N2)	3	3	5	2	7	25	22	35	33	23	21	22	24	19	15	259
A(H1N1)pdm2009	19	48	110	150	459	711	951	867	773	565	401	293	208	113	60	5.728
FLU B	0	4	2	2	7	8	9	8	7	15	23	26	62	58	51	282
TOT POSITIVI	22	55	119	164	501	805	1.180	1.145	964	710	522	395	331	224	149	7.286*

*Su un totale di 43.081 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	07	08	TOT
SARS-CoV-2	182	333	418	402	521	438	350	344	222	164	126	75	64	60	39	3.738
Adenovirus	45	33	40	36	52	38	42	36	39	19	36	43	41	44	42	586
Bocavirus	0	1	3	5	3	3	7	7	14	10	12	20	24	14	10	133
Coronavirus (no SARS-CoV2)	11	10	17	25	25	24	30	30	42	30	56	64	70	65	47	546
Metapneumovirus	3	3	7	6	10	13	12	13	17	17	19	28	46	46	54	294
Rhinovirus	163	174	171	128	150	148	88	91	113	98	124	109	149	129	109	1.944
RSV	34	57	101	118	170	224	262	272	300	322	439	424	410	342	221	3.696
Virus Parainfluenzali	15	11	13	12	14	18	17	8	5	14	7	8	20	18	12	192
TOT POSITIVI	453	622	770	732	945	906	808	801	752	674	819	771	824	718	534	11.129

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 8^a settimana del 2024

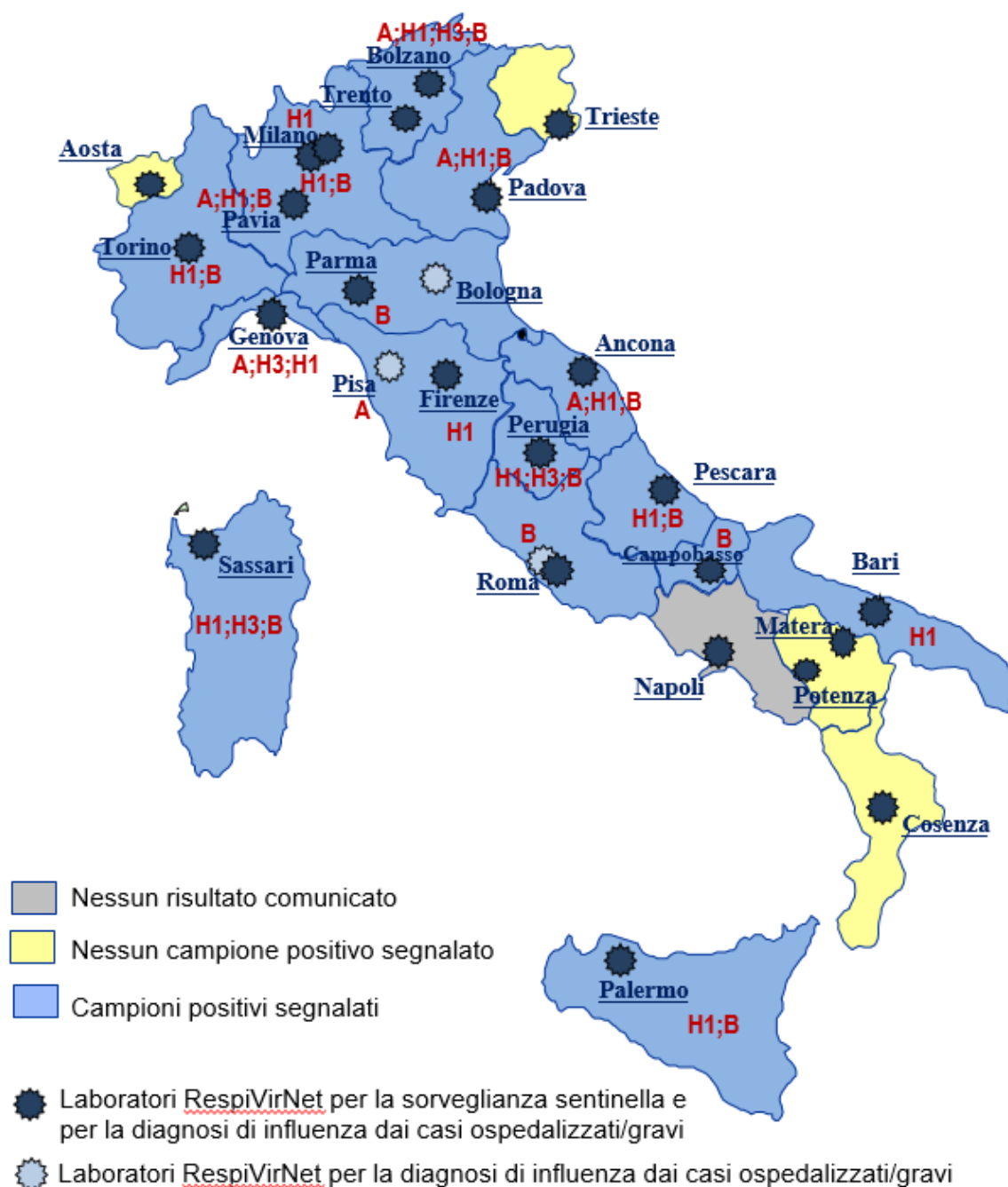


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2023-2024, rispetto alla stagione 2022-2023

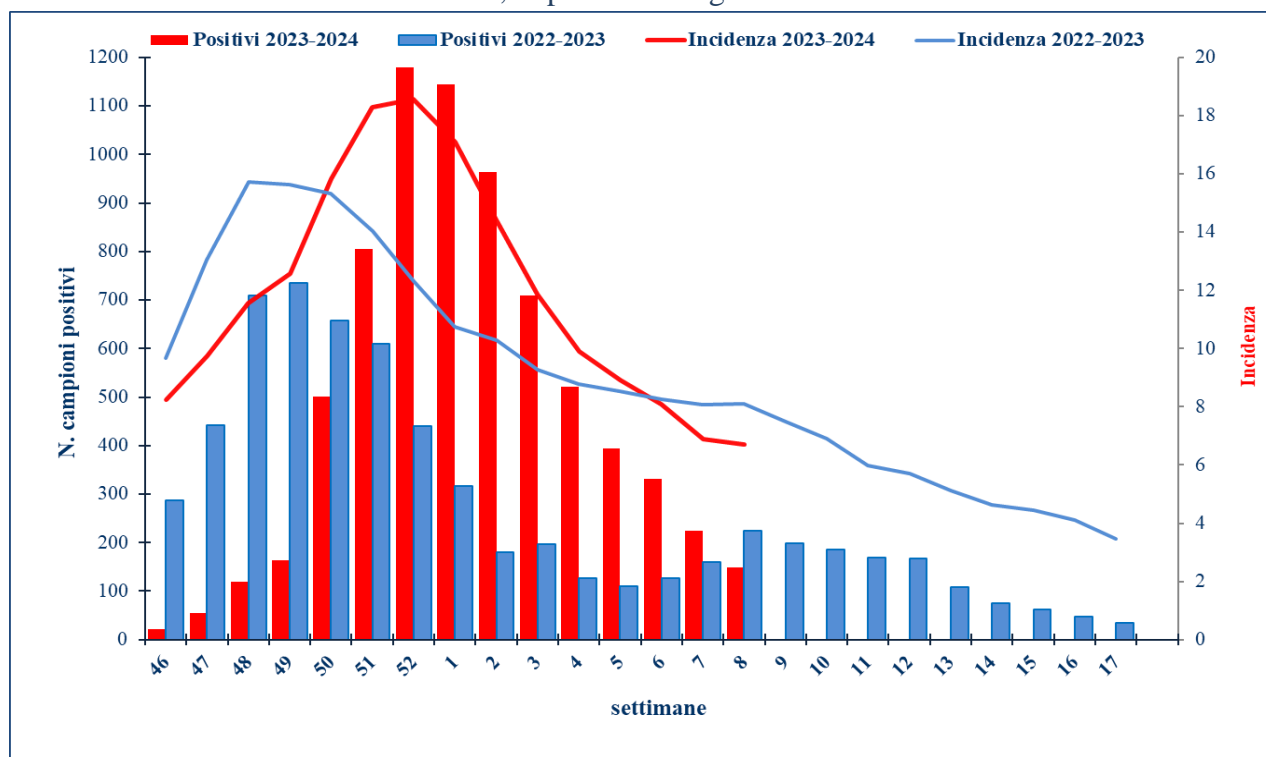


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2023-2024)

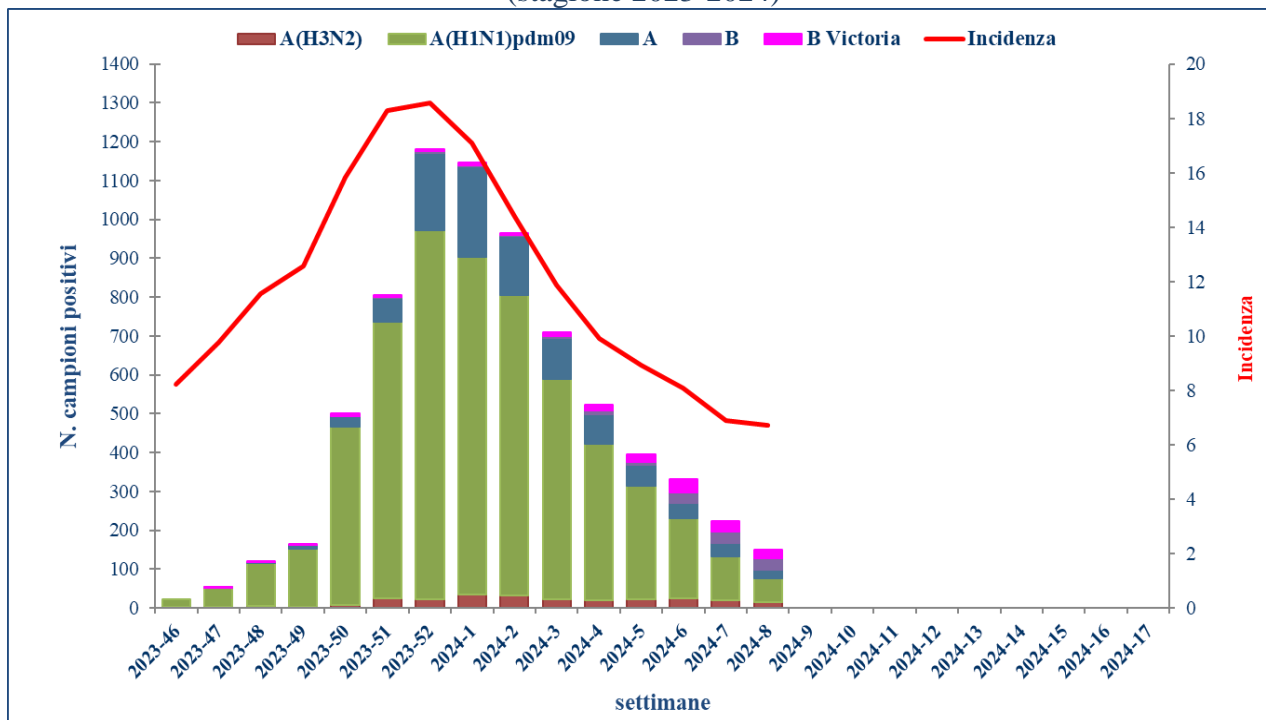
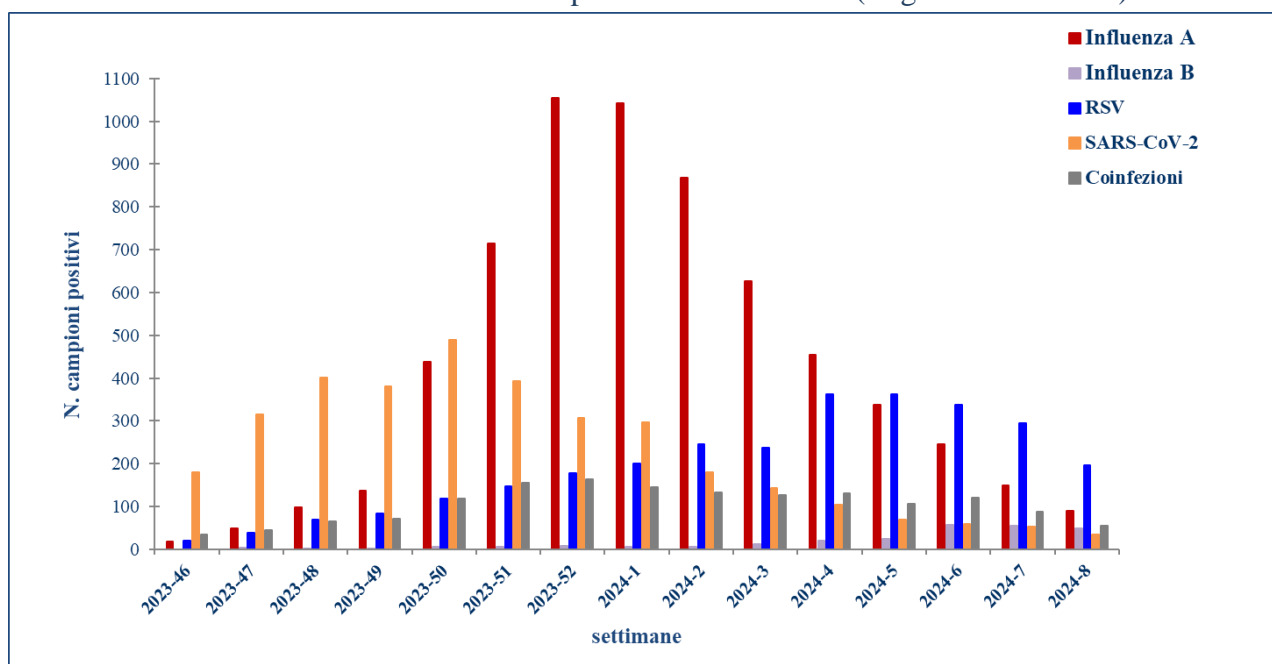


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (tipo A e B), **RSV** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2023-2024)



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)

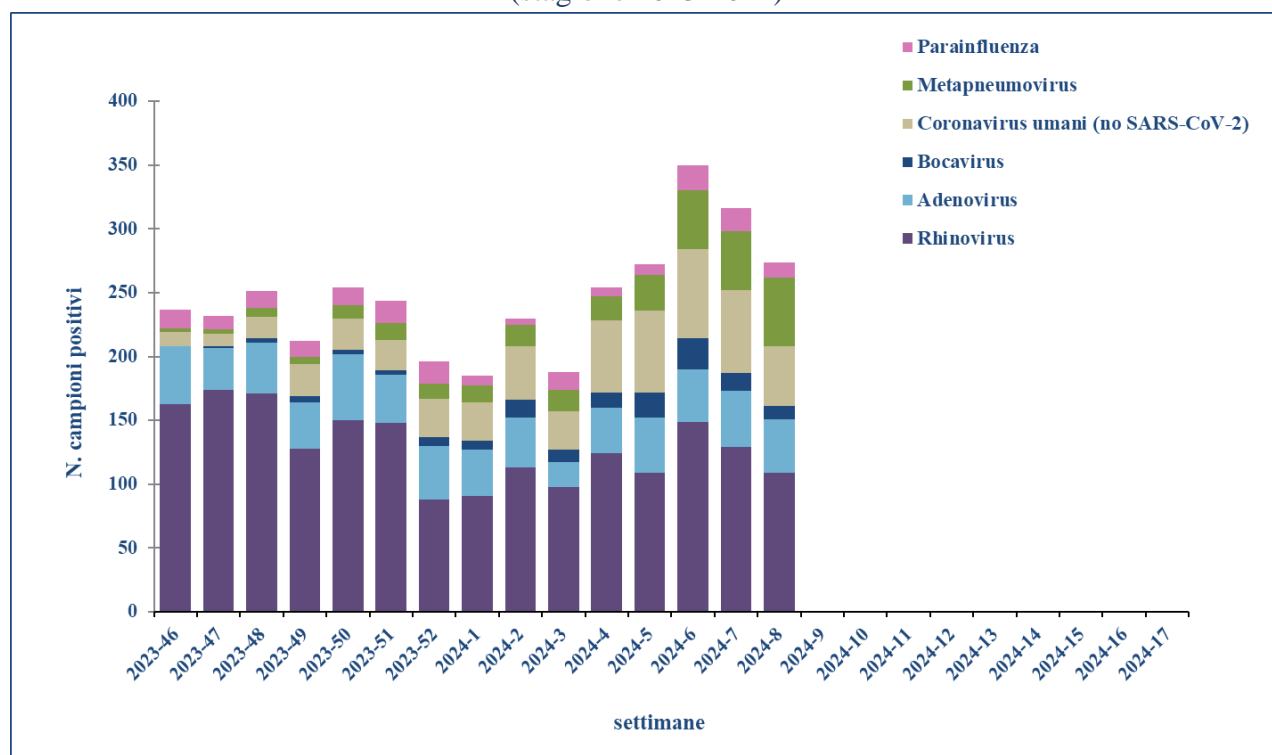
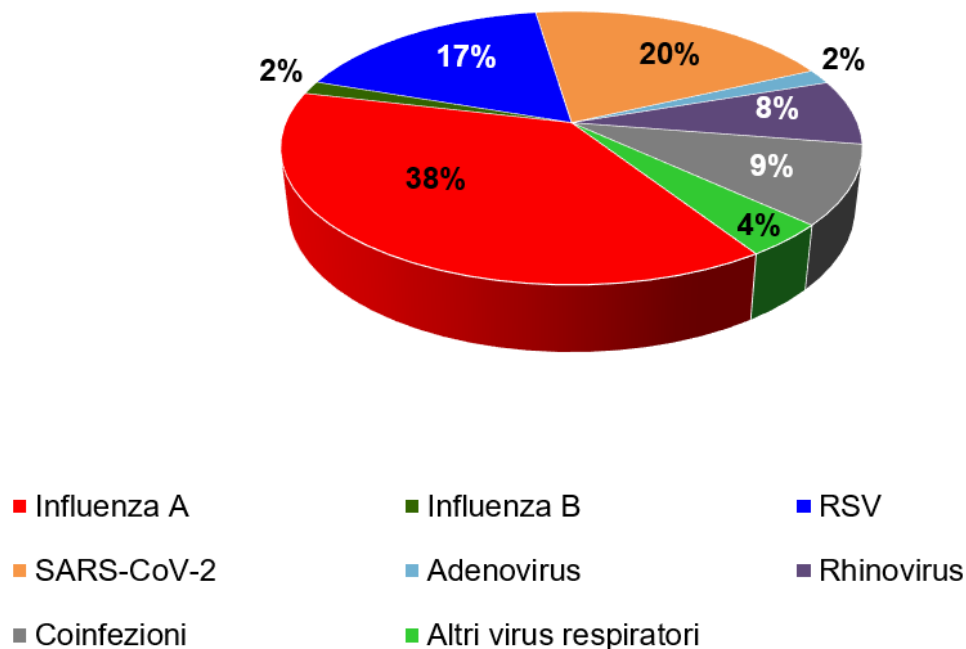


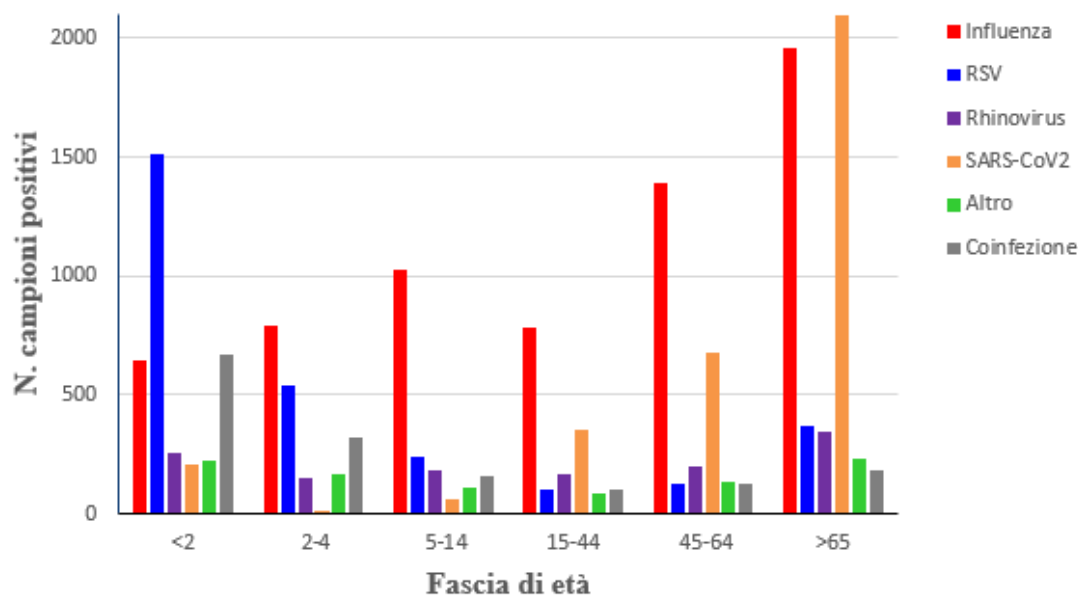
Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio
(settimane 46/2023-08/2024)



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*

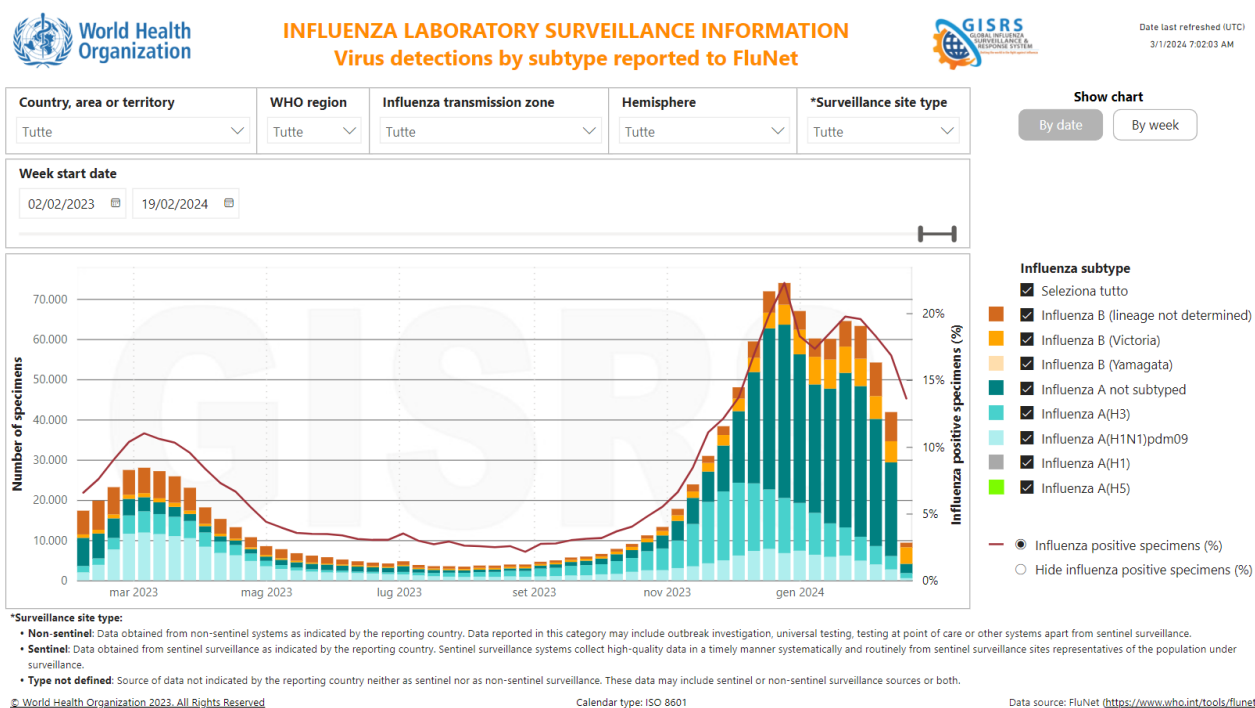
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

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 l'attività dei virus influenzali si mantiene elevata ma stabile.

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 8^a settimana di sorveglianza del 2024.



USA

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

In particolare, nella settimana 7/2024, sono stati testati **2.639** 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. Dei 668 campioni risultati positivi al virus influenzale, 479 (72%) appartengono al tipo A, nell'ambito dei quali il 51% dei campioni sottotipizzati appartiene al sottotipo H1N1pdm09 e il 49% al sottotipo H3N2. I restanti 189 (28%) campioni appartengono al tipo B, 118 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

	Week 7	Data Cumulative since October 1, 2023 (Week 40)
No. of specimens tested	2,639	76,039
No. of positive specimens	668	24,008
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	479 (71.7%)	19,549 (81.4%)
Subtyping Performed	298 (62.2%)	15,907 (81.4%)
(H1N1)pdm09	153 (51.3%)	12,186 (76.6%)
H3N2	145 (48.7%)	3,721 (23.4%)
H3N2v	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Subtyping not performed	181 (37.8%)	3,642 (18.6%)
Influenza B	189 (28.3%)	4,459 (18.6%)
Lineage testing performed	118 (62.4%)	3,589 (80.5%)
Yamagata lineage	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Victoria lineage	118 (100%)	3,589 (100%)
Lineage not performed	71 (37.6%)	870 (19.5%)

Il CDC riporta che nell'ambito dei 2.114 ceppi virali, raccolti a partire dal 1° ottobre 2023, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 709/962 (74%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 253 al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Centoventotto 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.
- 595/598 (99,4%) 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 127 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.
- 554 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, 76 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 7/2024 continua a registrarsi, nella maggior parte dei paesi europei, un elevato tasso di ILI e/o ARI (infezioni respiratorie acute) nella popolazione, per la maggior parte associato ad influenza.

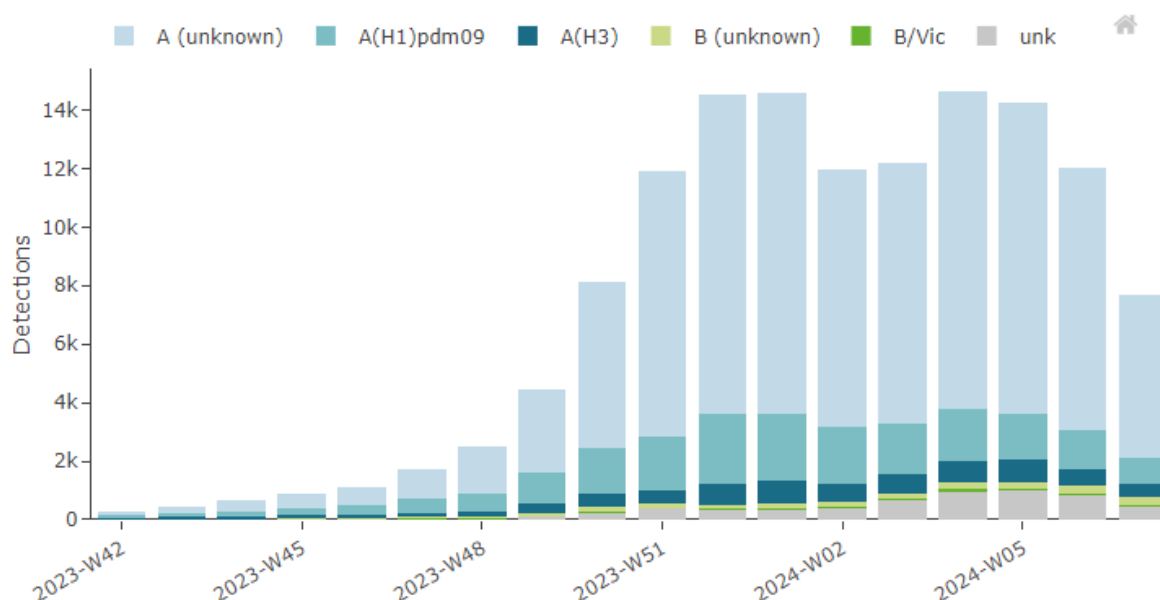
La circolazione dei **virus influenzali** stagionali si mantiene elevata, sebbene in lieve calo nelle ultime due settimane, e sempre associata per la maggior parte al sottotipo A(H1N1)pdm09, mentre risulta in diminuzione sia per **SARS-CoV-2** che **RSV**, sebbene per questi ultimi l'andamento sia variabile nei diversi paesi.

Nella 7^a settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **7.213** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 6.891 (95,5%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 1.333 virus sottotipizzati, 904 (68%) sono risultati A(H1)pdm09 e 429 (32%) A(H3).
- 322 (4,5%) virus sono risultati appartenere al tipo B, 34 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

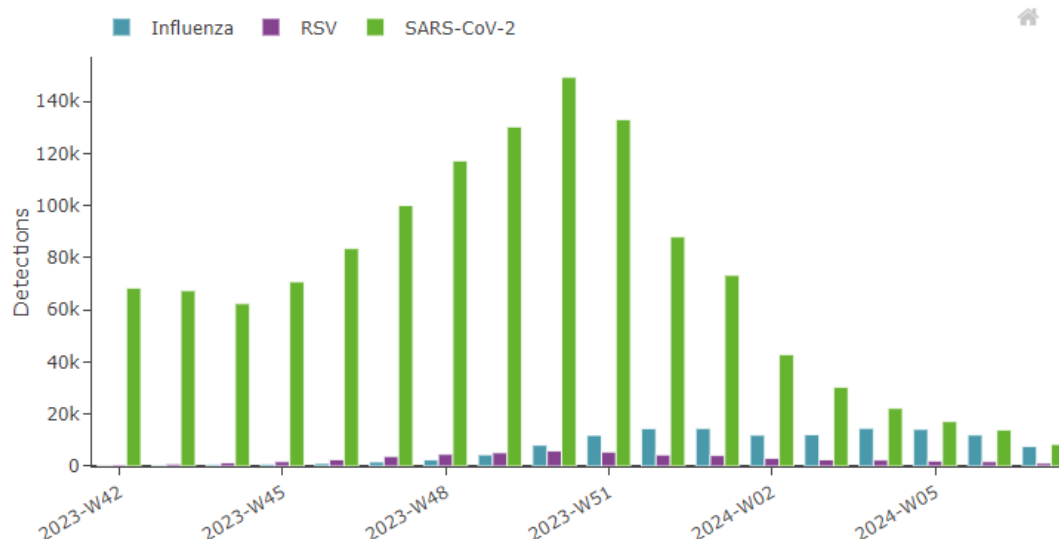
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2023/2024

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 \(ERVISS\)](#).

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2023, sono stati finora caratterizzati geneticamente 2.128 ceppi di virus influenzale:

- 903/1.496 (60%) virus di tipo A, sottotipo H1N1pdm09 analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2a, rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021, e 586 (39%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1, rappresentato dal ceppo A/Victoria/4897/2022.
- 516/557 (92,6%) virus di tipo A, sottotipo H3N2 sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1, rappresentato dal ceppo A/Thailand/8/2022, 29 al sottogruppo 2a, rappresentato dal ceppo A/Darwin/9/2021, 8 al sottogruppo 2a.3a e uno al sottogruppo 2a.3b.
- 75/75 (100%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo B/Austria/1359417/2021.

Il 23 febbraio 2024 sono state emanate le raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2024/2025 (emisfero Nord), secondo le quali si prevede l'inclusione dei seguenti ceppi nei **vaccini trivalenti**:

Vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo:

- A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-like virus
- **A/Thailand/8/2022 (H3N2)**-like virus
- B/Austria/1359417/2021 virus (lineaggio B/Victoria)

Vaccini ottenuti su colture cellulari o vaccini ricombinanti:

- A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-like virus
- **A/Massachusetts/18/2022 (H3N2)**-like virus
- B/Austria/1359417/2021 virus (lineaggio B/Victoria)

Nel caso dei **vaccini quadrivalenti**, l'OMS raccomanda l'inserimento del ceppo B/Phuket/3073/2013-like (lineaggio B/Yamagata), in aggiunta ai ceppi sopramenzionati.

Il nuovo vaccino conterrà, dunque, **nuove varianti antigeniche di tipo A**, sottotipo **H3N2**, (**A/Thailand/8/2022** e **A/Massachusetts/18/2022**), che sostituiranno i ceppi A/Darwin/9/2021 e A/Darwin/6/2021, rispettivamente nei vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo ed in quelli ottenuti su colture cellulari.

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.