Rapporto N. 11 del 31 gennaio 2025



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana **2025 – 04** dal **20** al **26** gennaio 2025

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 04/2025 (20-26 gennaio 2025), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica RespiVirNet (<u>Protocollo Operativo RespiVirNet per la stagione 2024-2025</u>), 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 04/2025, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **36%**, in aumento rispetto alla settimana precedente (33,7%). In particolare, su 3.879 campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet, **1.393** sono risultati positivi al **virus influenzale**, 1.040 di tipo **A** (427 di sottotipo H1N1pdm09, 266 H3N2 e 347 non ancora sottotipizzati) e 353 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati, 360 (9,3%) sono risultati positivi per VRS, 69 (1,7%) per SARS-CoV-2 e i rimanenti 474 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 197 (5%) Rhinovirus, 120 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 64 Metapneumovirus, 55 Adenovirus, 20 Bocavirus e 18 virus Parainfluenzali.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 04 (17,3 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/04*), tra cui in particolare **virus influenzali**, **VRS** e **Rhinovirus**.
- Ad oggi, sul portale RespiVirNet non è stato segnalato nessun campione positivo per influenza di tipo A "non sottotipizzabile" per i virus influenzali stagionali e/o appartenente ad altro sottotipo (es. A/H5).



ITALIA

Durante la settimana 04/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **3.879** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **1.393** (**36%**) sono risultati positivi per **influenza**, 1.040 di tipo **A** (427 di sottotipo **H1N1pdm09**, 266 **H3N2** e 347 non ancora sottotipizzati) e 353 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 4.067 ceppi di tipo A (78,6%), prevalentemente appartenenti al sottotipo H1N1pdm09, e 1.106 di tipo B (21,4%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 360 (9,3%) sono risultati positivi per il Virus Respiratorio Sinciziale (VRS), 197 (5%) per Rhinovirus, 120 (3,1%) per Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 69 (1,7%) per SARS-CoV-2, 64 per Metapneumovirus, 55 per Adenovirus, 20 per Bocavirus e 18 per virus Parainfluenzali (Tabella 2b).

Durante la settimana 04/2025, sono state inoltre segnalate 17 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, 8 delle quali dal laboratorio di Padova, 4 da Bolzano, una da Aosta, una da Milano, una da Potenza, una da Torino e una da Trento.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 04 (17,3 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/04*), tra cui in particolare virus influenzali, VRS 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 nella 04^a settimana del 2025

Città	Laboratorio	Referente				
ANCONA	UNIVERSITA'	S.Menzo				
AOSTA	AO "Umberto Parini"	P. Falcone				
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				
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	M.G. Coppola				
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	A. L. Capria					
POTENZA	AOR "San Carlo"	A. Picerno					
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti					
SASSARI	UNIVERSITA'	S. Rubino					
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti					
TRENTO	PO "S. Chiara"	L. Collini					
TRIESTE	UNIVERSITA'	F. Barbone					

Tabella 2

a) Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei **virus influenzali** circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2024)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	тот
Influenza A	20	25	41	59	99	187	271	558	849	918	1.040	4.067
A non sottotipizzati	1	1	2	11	10	21	49	68	123	144	347	777
A(H3N2)	5	2	6	6	19	39	67	186	247	264	266	1.107
A(H1N1)pdm2009	14	22	33	42	70	127	155	304	479	510	427	2.183
Influenza B	4	6	12	18	30	56	75	123	183	246	353	1.106
TOTALE POSITIVI	24	31	53	77	129	243	346	681	1.032	1.164	1.393	5.173*

*Su un totale di 26.104 campioni clinici ricevuti dai Laboratori

N.B. I dati riportati in tabella 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 46/2024)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	TOT
SARS-CoV-2	53	65	68	97	90	77	69	91	103	90	69	872
Adenovirus	61	55	68	91	86	102	77	72	61	66	55	794
Bocavirus	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	20	141
Coronavirus (no SARS-CoV-2)	23	32	45	75	76	88	82	104	113	132	120	890
Metapneumovirus	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	64	265
Rhinovirus	247	267	313	338	279	287	185	206	217	226	197	2.762
VRS	18	29	64	85	139	149	205	206	230	241	360	1.726
Virus Parainfluenzali	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	18	363
TOTALE POSITIVI	449	508	623	756	722	780	667	755	795	855	903	7.813

N.B. I dati riportati in tabella 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 04^a settimana del 2025

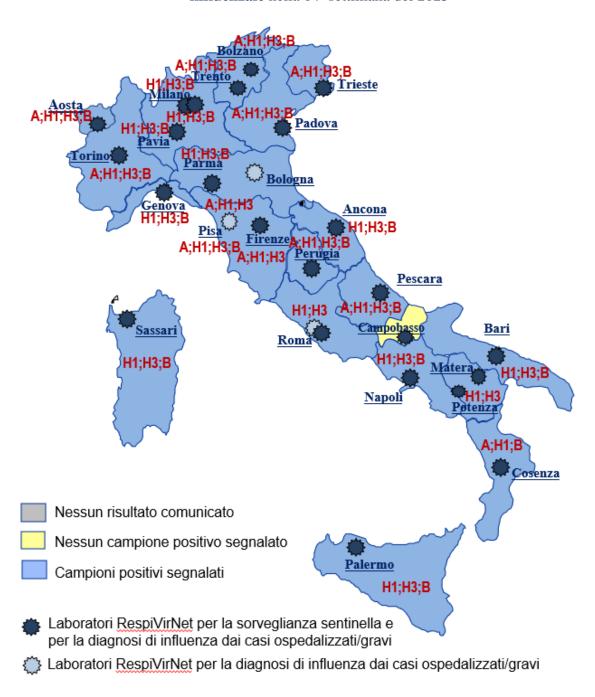


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

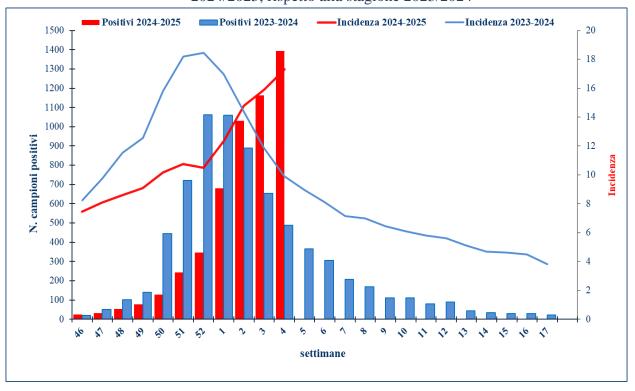


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

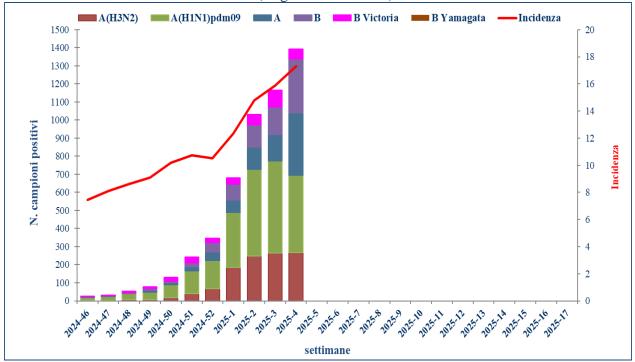




Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

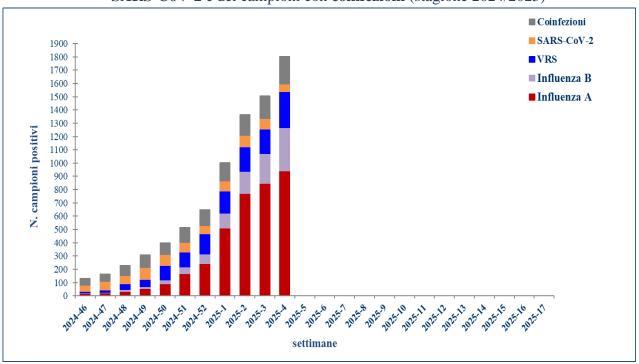


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad altri virus respiratori (stagione 2024/2025)

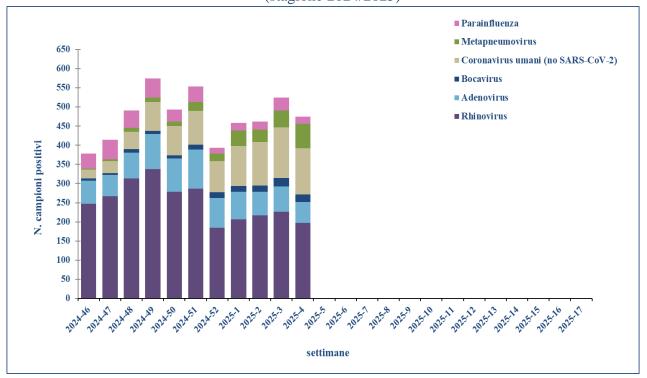
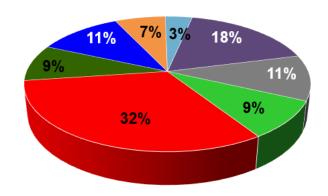
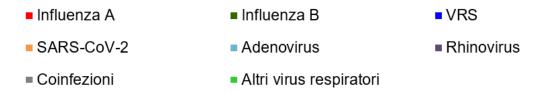


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-04/2025)





Altri virus respiratori: Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali N.B. Le proporzioni riportate nel grafico sono da considerarsi in fase di consolidamento

(stagione 2024/2025) 1400 ■ Influenza VRS 1200 ■ Rhinovirus N. campioni positivi 1000 SARS-CoV2 Altro 800 ■ Coinfezione 600 400 200 45-64 15-44 Fascia di età

Figura 7 Campioni positivi per fascia di età e tipo di virus

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



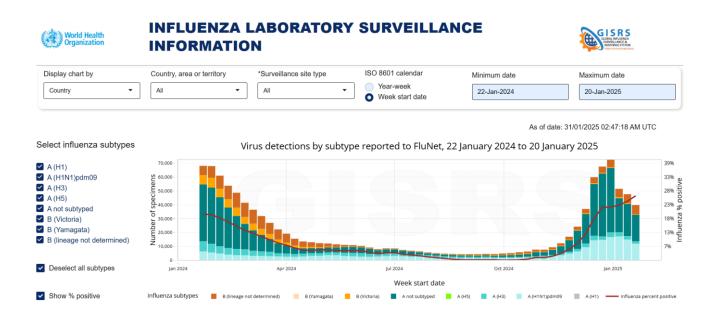


SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nell'emisfero Nord, le identificazioni dei virus influenzali rimangono sostenute in diversi paesi, in particolare in Europa (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi), in nord America (prevalentemente associata ai virus di tipo A), in America centrale (prevalentemente associata a virus A/H3N2), in Africa occidentale (prevalentemente associata a virus B), in Africa settentrionale (associata a virus A/H3N2) e in alcune regioni dell'Asia (associata a virus A/H1N1pdm09).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali risulta elevata soprattutto in alcuni paesi dell'America meridionale tropicale (prevalentemente associata a virus B) e in Africa orientale (associata a virus B).

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 3^a settimana di sorveglianza del 2025, come riportato dal WHO (<u>Global Influenza Programme (who.int)</u>.



USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali si mantiene elevata e risulta in aumento in molti stati. Durante la settimana 03/2024, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate soprattutto a ceppi di sottotipo A(H3N2) e A(H1N1)pdm09.

In particolare, nella sopraindicata settimana, sono stati esaminati **3.332** 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 2.304 campioni risultati positivi al virus influenzale, 2.252 (97,7%) appartenevano al tipo A: tra i 1.705 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 936 (54,9%) sono risultati appartenere al sottotipo H3N2 e 769 (45,1%) al sottotipo H1N1pdm09. I restanti 52 (2,3%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 25 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 3	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	3,332	42,903
No. of positive specimens	2,304	24,344
Positive specimens by type/subtype		
Influenza A	2,252 (97.7%)	23,658 (97.2%)
Subtyping Performed	1,705 (75.7%)	20,674 (87.4%)
(H1N1)pdm09	769 (45.1%)	9,381 (45.4%)
H3N2	936 (54.9%)	11,215 (54.2%)
H3N2v [†]	0	0
H5*	0	78 (0.4%)
Subtyping not performed	547 (24.3%)	2,984 (12.6%)
Influenza B	52 (2.3%)	686 (2.8%)
Lineage testing performed	25 (48.1%)	334 (48.7%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	25 (100%)	334 (100%)
Lineage not performed	27 (54.3%)	352 (51.3%)

^{*}Questi dati riportano il numero dei campioni risultati positivi per influenza presso i laboratori di sanità pubblica (i campioni analizzati non corrispondono ai casi). Per maggiori informazioni sul numero di persone infettate dal virus influenzale A/H5 si rimanda ai seguenti link: "How CDC is monitoring influenza data among people to better understand the current avian influenza A (H5N1) situation", "H5 Bird Flu: Current Situation".



SORVEGLIANZA VIROLOGICA RESPIVIRNET

Il CDC riporta che nell'ambito degli 1.094 ceppi virali, raccolti a partire dal 29 settembre 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 234/406 (57,6%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a, gli altri 172 (42,4%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1. Cinquantuno 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 2024/2025 nell'Emisfero Nord.
- 594/599 (99,2%) ceppi H3N2 geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1b.2a.3a.1, rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022 (incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2024/2025 nell'Emisfero Nord), mentre gli altri 5 al sottogruppo 3C.2a1b.2a.3a. Un sottogruppo di 95 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 40 (42,1%) di questi hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo vaccinale A/Massachusetts/18/2022-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2024/2025 nell'Emisfero Nord.
- 89 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, 9 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 3^a settimana del 2025 si registra una sostenuta circolazione di virus respiratori. In particolare, la circolazione dei **virus influenzali** si mantiene elevata. Le ospedalizzazioni dovute al virus influenzale riguardano tutte le fasce di età ma, in particolare, le persone di età pari o superiore a 65 anni che sono maggiormente interessate dalle forme cliniche più gravi di infezione.

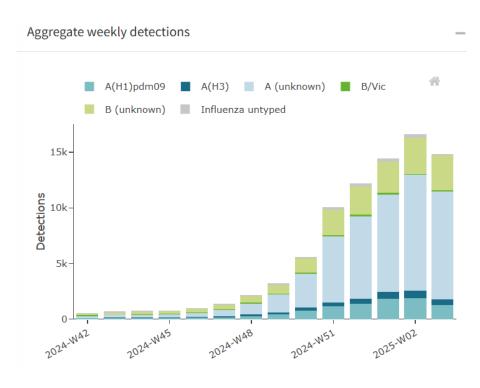
Per quanto riguarda la circolazione del **VRS**, si osserva nel complesso un andamento decrescente o comunque stabile, dopo una fase crescente registrata per diverse settimane. Tra i bambini di età <5 anni si osservano i quadri clinici più severi e il maggior rischio di ospedalizzazione.

La circolazione del **SARS-CoV-2** è progressivamente diminuita nei mesi scorsi e risulta attualmente bassa.

Nella 3ª settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **14.744** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

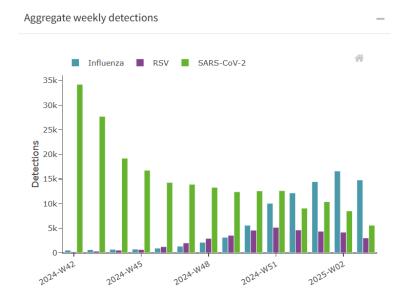
- 11.537 (78,2%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 1.791 virus sottotipizzati, 1.247 (69,6%) sono risultati A(H1)pdm09 e 544 (30,4%) A(H3).
- 3.207 (21,8%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 53 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2024/2025





Andamento settimanale delle identificazioni di campioni positivi per Influenza, VRS e SARS-CoV-2 settimana (ERVISS), stagione 2024/2025



Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali del European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS).

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2024, sono stati finora caratterizzati geneticamente 1.059 ceppi di virus influenzale:

- 451/485 (93%) virus di tipo A, sottotipo H1N1pdm09 analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1.9) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/188/2023, 29 (6%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 4 (1%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Netherlands/10468/2023.
- 145/230 (63%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 39 (17%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024, 37 (16%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023 e 3 (1%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 244/344 (71%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 45 (13%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024, 35 (10%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e 9 (2,6%) al *clade* V1A.3a.2 (C) rappresentato dal ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021.

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.

