Rapporto N. 12 del 9 febbraio 2024



# Rapporto Virologico **RespiVir**Net

# Stagione influenzale 2023-2024

# Settimana **2024 – 05** dal **29** gennaio al **4** febbraio 2024

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 5/2024 (29 gennaio – 4 febbraio 2024), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica RespiVirNet (<u>Protocollo Operativo RespiVirNet per la stagione 2023-2024</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 5/2024, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **12,6%**, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (15,6%).
- Tra i **virus influenzali, quelli di tipo A** risultano largamente **prevalenti** (98,4%) rispetto ai virus di tipo **B** e appartengono per la maggior parte al sottotipo **H1N1pdm09**.
- Tra i campioni analizzati, 379 (13,6%) sono risultati positivi per RSV, 66 (2,3%) per SARS-CoV-2 e i rimanenti 231 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 95 Rhinovirus, 52 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 37 Adenovirus, 23 Metapneumovirus, 18 Bocavirus e 6 virus Parainfluenzali.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 5 (8,53 casi per mille assistiti, come riportato nel Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 9/02/2024), tra cui prevalgono i virus influenzali, RSV, SARS-CoV-2 e Rhinovirus.



### **ITALIA**

Durante la settimana 5/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.781** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **350** (**12,6%**) sono risultati positivi per **influenza**, 330 di tipo **A** (232 di sottotipo **H1N1pdm09**, 20 **H3N2** e 78 non ancora sottotipizzati) e 20 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 6.420 ceppi di tipo A (98,4%), prevalentemente appartenenti al sottotipo H1N1pdm09, e 105 di tipo B (1,6%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 379 (13,6%) sono risultati positivi per **RSV**, 66 (2,3%) per **SARS-CoV-2**, mentre 231 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 95 **Rhinovirus**, 52 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 37 Adenovirus, 23 Metapneumovirus, 18 Bocavirus e 6 virus Parainfluenzali (Tabella 2b).

Durante la settimana 5/2024 sono stati segnalati 4 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae* in pazienti ospedalizzati: 2 dal laboratorio di riferimento di Perugia, 1 dal laboratorio di Padova e 1 dal laboratorio di Bolzano.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 5 (8,53 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 9/02/2024*), 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 ai diversi virus respiratori per fascia di età.

*Tabella 1* Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato dati riguardanti le indagini di laboratorio nella 5<sup>a</sup> 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			
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			
POTENZA	AOR "San Carlo"	A. Picerno			
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti			
SASSARI	UNIVERSITA' S. Rubino				
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	edeo 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	TOT
FLU A	22	51	117	162	494	797	1171	1137	955	692	492	330	6.420
A	0	0	2	11	28	66	198	237	161	148	114	78	1.043
A(H3N2)	3	3	5	2	7	23	22	35	32	22	20	20	194
A(H1N1)pdm2009	19	48	110	149	459	708	951	865	762	522	358	232	5.183
FLU B	0	4	2	2	7	8	9	8	7	15	23	20	105
TOT POSITIVI	22	55	119	164	501	805	1180	1145	962	707	515	350	6.525*

\*Su un totale di 34.443 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

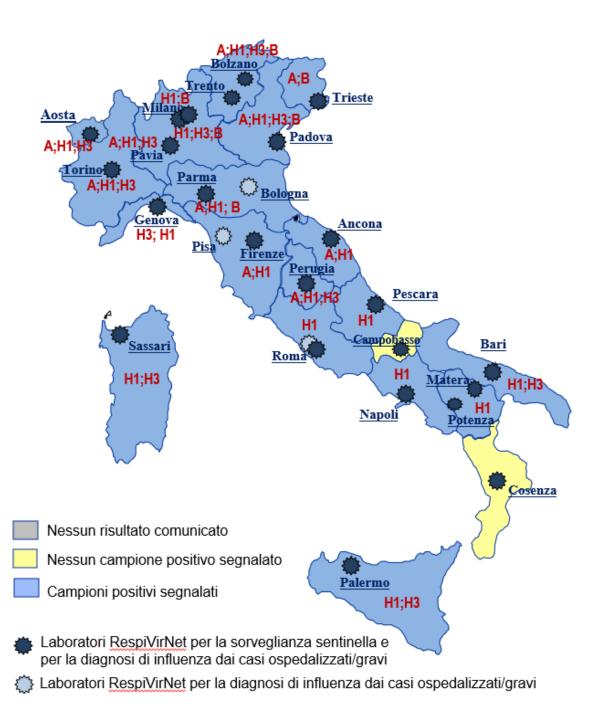
### b) Identificazioni di **altri virus respiratori** in Italia (a partire dalla settimana 46/2023)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	тот
SARS-CoV-2	182	333	418	402	521	438	349	344	219	163	126	66	3561
Adenovirus	45	33	40	36	52	38	42	36	39	18	35	37	451
Bocavirus	0	1	3	5	3	3	7	7	15	11	11	18	84
Coronavirus (no SARS-CoV-2)	11	10	17	25	25	24	30	30	41	26	49	52	340
Metapneumovirus	3	3	7	6	10	12	12	13	17	16	17	23	139
Rhinovirus	161	175	171	128	150	147	88	91	113	101	123	95	1543
RSV	34	57	101	118	170	224	262	272	300	312	433	379	2671
Virus Parainfluenzali	15	11	13	12	14	18	16	8	5	10	8	6	139
TOT POSITIVI	451	623	770	732	945	904	806	801	749	669	802	676	8.928

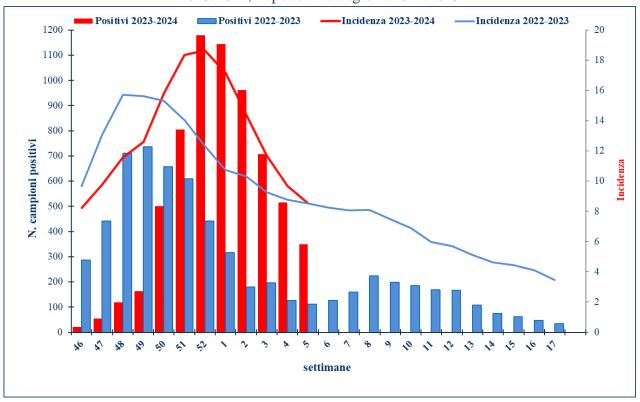
N.B. I dati indicati sono da considerarsi in fase di consolidamento; si sottolinea inoltre che: i) in caso di trasmissione di più campioni con lo stesso risultato, relativi a un singolo paziente in una data settimana, questo viene conteggiato una sola volta; ii) un campione viene considerato positivo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



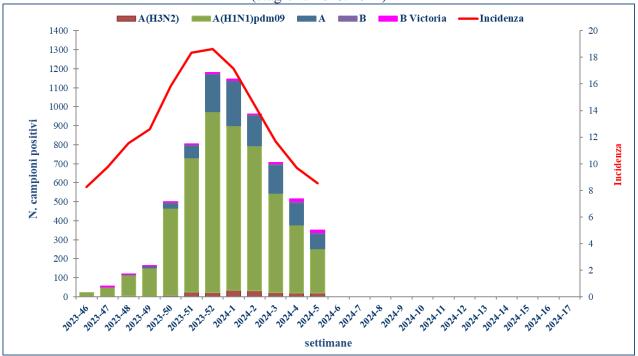
*Figura 1* Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato i dati e le positività al **virus influenzale** nella 5<sup>a</sup> settimana del 2024



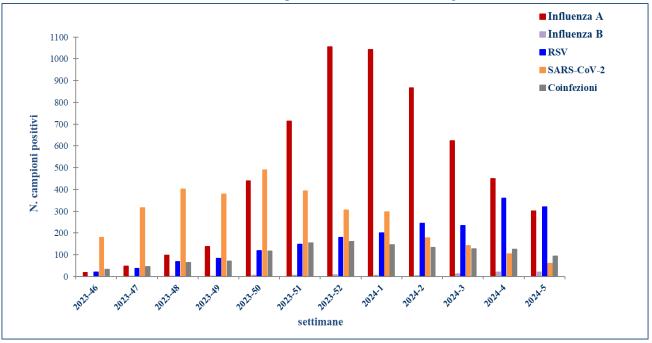
*Figura 2* Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2023/2024, rispetto alla stagione 2022/2023



*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 (stagione2023/2024)

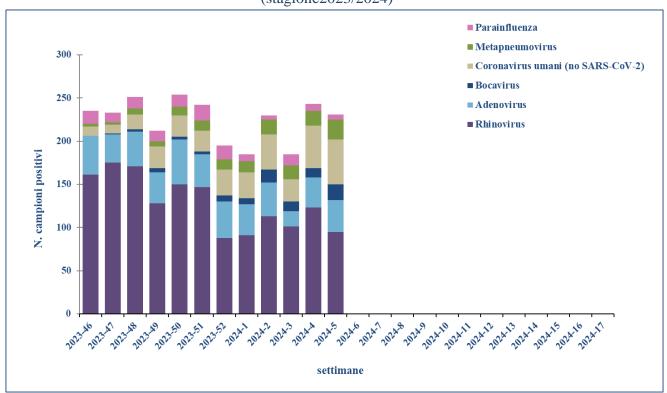
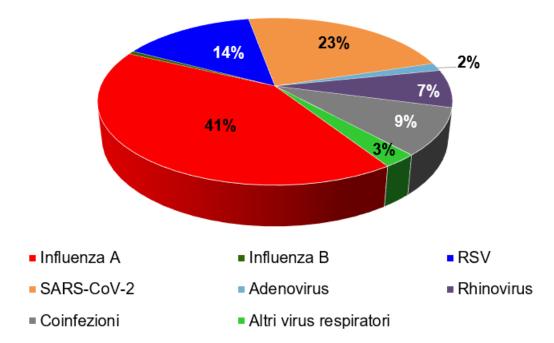


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2023-05/2024)



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

(stagione 2023/2024) Influenza 2000 RSV ■ Rhinovirus N. campioni positivi SARS-CoV2 1500 Altro ■ Coinfezione 1000 500 0 5-14 <2 2-4 15-44 45-64 >65 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



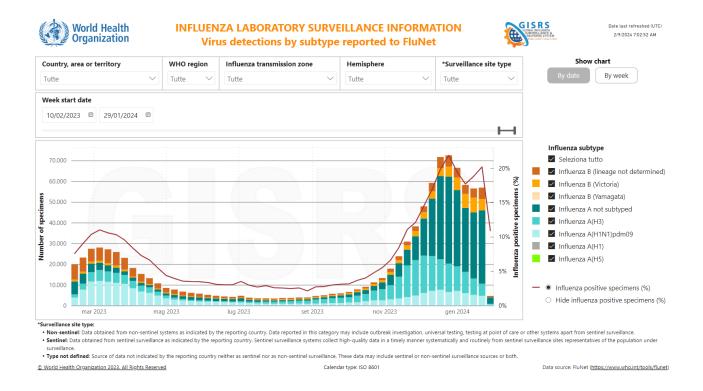
### SITUAZIONE INTERNAZIONALE

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 e in Asia centrale si continua a registrare una elevata attività dei virus influenzali, prevalentemente associata al sottotipo A(H1N1)pdm09. In Nord Africa, le identificazioni di virus A(H1N1)pdm09 rimangono elevate, principalmente in Algeria e in Tunisia. L'attività dei virus influenzali tende a diminuire sia in Asia orientale che in Asia occidentale, sebbene si osservi un incremento in Armenia, Georgia e in Israele. L'attività virale è in diminuzione sia in America centrale che in Asia meridionale, mentre è in aumento nel sud-est asiatico, soprattutto in Malesia e a Singapore, dove è prevalentemente associata ai virus A(H3N2).

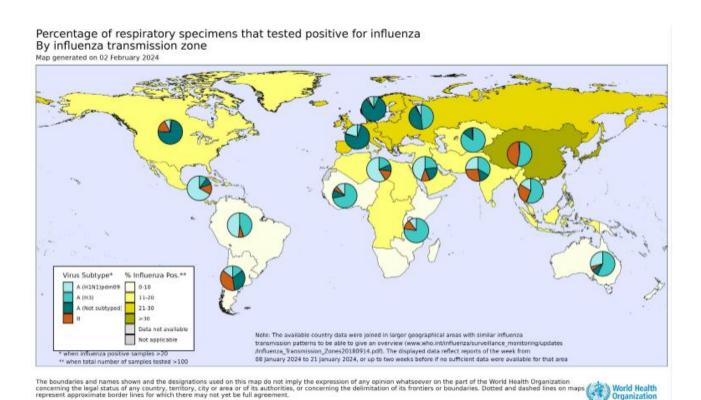
Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, l'attività dei virus influenzali è bassa.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 5ª settimana di sorveglianza del 2024.



Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (5 febbraio 2024) e relativo ad oltre 452.836 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra l'8 e il 21 gennaio 2024, 74.302 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 54.310 (73,1%) appartenevano al tipo A e 19.992 (26,9%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 5.685 (30,7%) erano H1N1pdm09 e 12.858 (69,3%) H3N2. Nell'ambito dei 12.563 virus B caratterizzati, tutti sono risultati appartenere al lineaggio Victoria.

Nella seguente mappa viene indicata la proporzione globale dei campioni testati e risultati positivi al virus influenzale, aggiornata al 2 febbraio 2024.



Data source: Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS), FluNet (www.who.int/flunet) Copyright WHO 2024. All rights reserved.



## **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 4/2024, sono stati testati **2.899** 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 937 campioni risultati positivi al virus influenzale, 739 (78,9%) appartengono al tipo A, con il sottotipo H1N1pdm09 prevalente (60,4%) e 198 al tipo B (21,1%), 119 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 4	Data Cumulative since October 1, 2023 (Week 40)
No. of specimens tested	2,899	63,718
No. of positive specimens	937	19,426
Positive specimens by type/subtype		
Influenza A	739 (78.9%)	16,059 (82.7%)
Subtyping Performed	412 (55.8%)	12,874 (80.2%)
(H1N1)pdm09	249 (60.4%)	10,197 (79.2%)
H3N2	163 (39.6%)	2,677 (20.8%)
H3N2v	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Subtyping not performed	327 (44.2%)	3,185 (19.8%)
Influenza B	198 (21.1%)	3,367 (17.3%)
Lineage testing performed	119 (60.1%)	2,704 (80.3%)
Yamagata lineage	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Victoria lineage	119 (100%)	2,704 (100%)
Lineage not performed	79 (39.9%)	663 (19.7%)

# SORVEGLIANZA VIROLOGICA RESPIVIRNET

Il CDC riporta che nell'ambito dei 1.144 ceppi virali, raccolti a partire dal 1° ottobre 2023, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 382/540 (70,7%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 158 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.
- 276/279 (98,9%) 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 91 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.
- 325 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 <u>CDC</u>.

### **EUROPA**

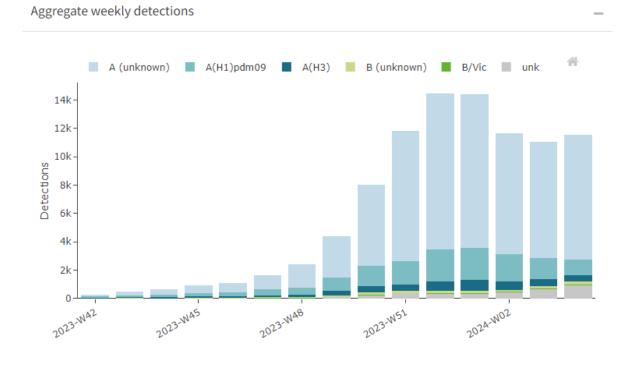
Nella settimana 4/2024 continua a registrarsi, nella maggior parte dei paesi europei, un elevato tasso di ILI e/o ARI (infezioni respiratorie acute) nella popolazione.

La circolazione dei **virus influenzali** stagionali ha raggiunto 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 4ª settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **10.548** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

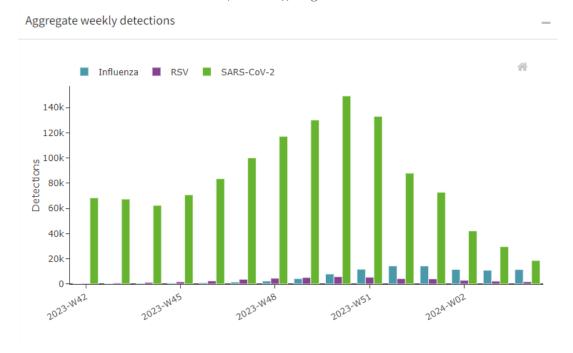
- 10.309 (97,7%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 1.532 virus sottotipizzati, 1.110 (72,4%) sono risultati A(H1)pdm09 e 422 (27,6%) A(H3).
- 239 (2,3%) virus sono risultati appartenere al tipo B, 11 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

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





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



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.

