



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana **2024 – 47**
dal **18** al **24** novembre 2024

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 47/2024 (18-24 novembre 2024), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica RespiVirNet ([Protocollo Operativo RespiVirNet per la stagione 2024-2025](#)), 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 seconda settimana di sorveglianza virologica per la stagione 2024/2025, la circolazione dei virus influenzali si mantiene **a bassi livelli**.
Su 1.142 campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet, **18 (1,6%)** sono risultati positivi al **virus influenzale**, 16 di tipo A (15 di sottotipo H1N1pdm09 e uno non ancora sottotipizzato) e 2 di tipo B.
- Tra i campioni analizzati, **37 (3,2%)** sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, **19 (1,7%)** per **RSV** e i rimanenti 254 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: **166 (14,5%) Rhinovirus**, 37 virus Parainfluenzali, 26 Adenovirus, 19 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 4 Bocavirus e 2 Metapneumovirus.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 47 (7,8 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 29/11/2024*), tra cui in particolare Rhinovirus, SARS-CoV-2 e virus Parainfluenzali.

ITALIA

Durante la settimana 47/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **1.142** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **18 (1,6%)** sono risultati positivi per influenza, 16 di tipo **A** (15 di sottotipo **H1N1pdm09** e uno non ancora sottotipizzato) e 2 di tipo **B**.

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 166 (14,5%) sono risultati positivi per **Rhinovirus**, 37 (3,2%) per **SARS-CoV-2**, 37 (3,2%) per **virus Parainfluenzali**, 26 (2,3%) per **Adenovirus**, 19 (1,7%) per **RSV**, 19 (1,7%) per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 4 per **Bocavirus** e 2 per **Metapneumovirus**.

Durante la settimana 47/2024, sono state inoltre segnalate 34 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, 24 delle quali dal laboratorio di Bolzano, 6 da Padova, 2 da Torino e altri 2 da Milano.

Tabella 1 Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato dati nella 47^a settimana del 2024

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
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
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	S. Rubino
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	F. Barbone

Tabella 3

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

	46	47	TOT
FLU A	18	16	34
A	4	1	5
A(H3N2)	5	0	5
A(H1N1)pdm2009	9	15	24
FLU B	3	2	5
TOT POSITIVI	21	18	39*

*Su un totale di 2.235 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 46/2024)

	46	47	TOT
SARS-CoV-2	35	37	72
Adenovirus	41	26	67
Bocavirus	3	4	7
Coronavirus (no SARS-CoV-2)	21	19	40
Metapneumovirus	3	2	5
Rhinovirus	195	166	361
RSV	17	19	36
Virus Parainfluenzali	28	37	65
TOT POSITIVI	343	310	653

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 47^a settimana del 2024

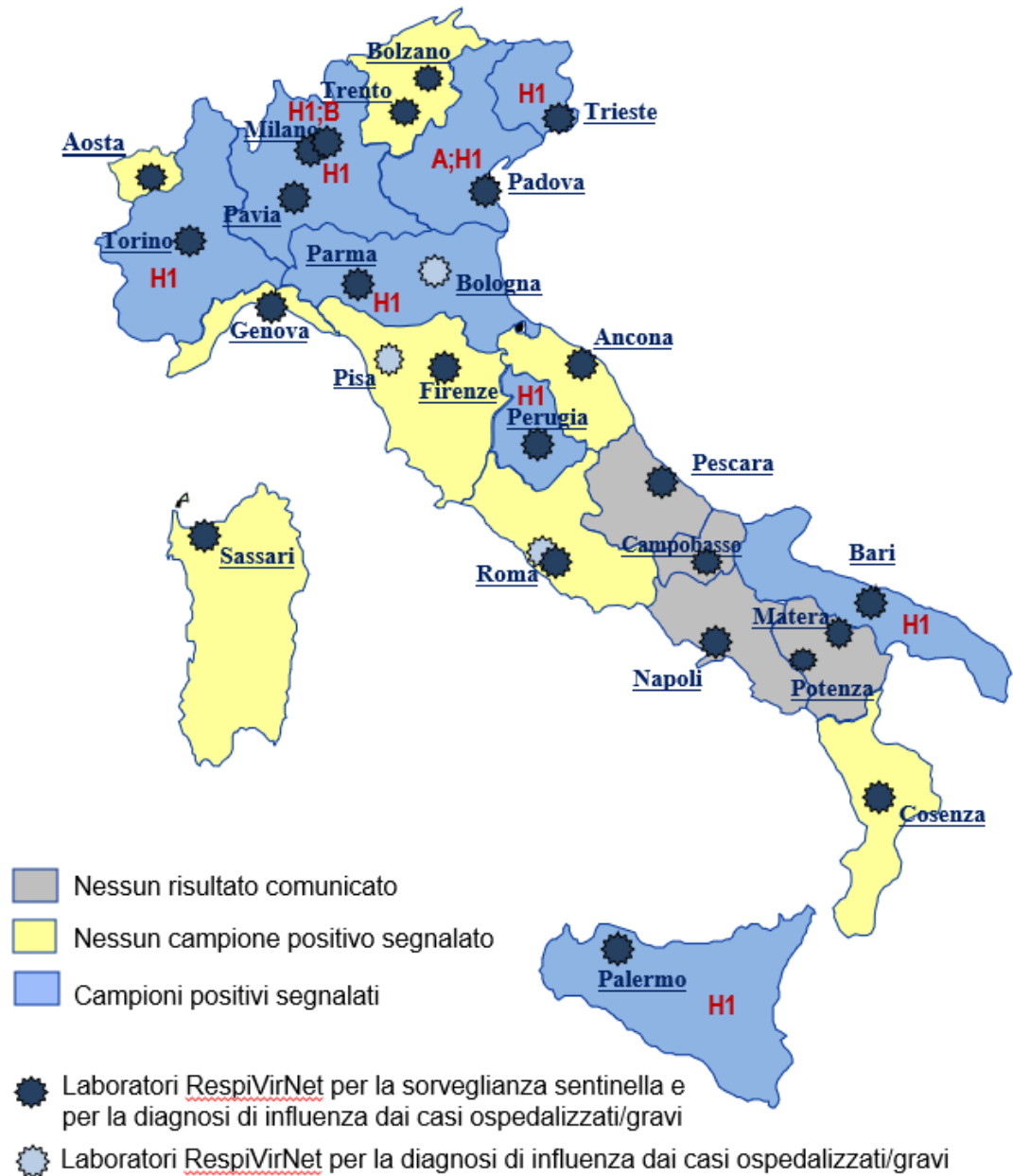


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

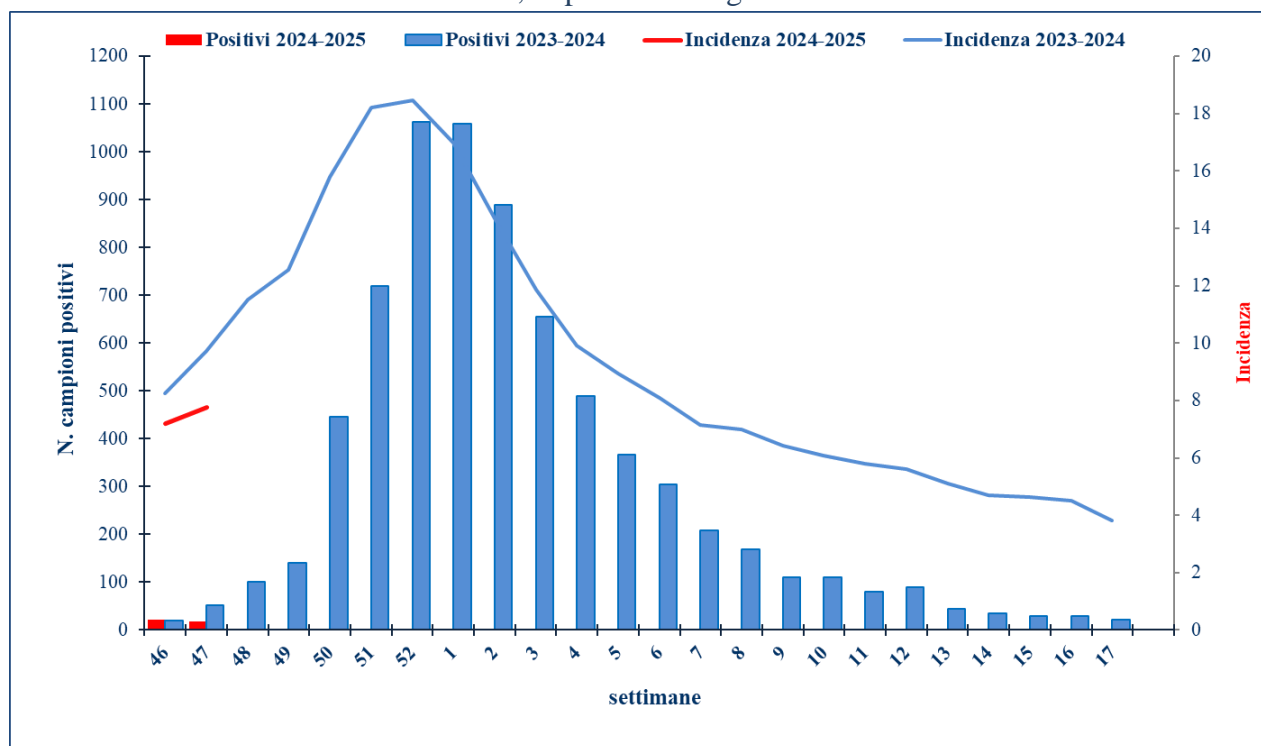


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

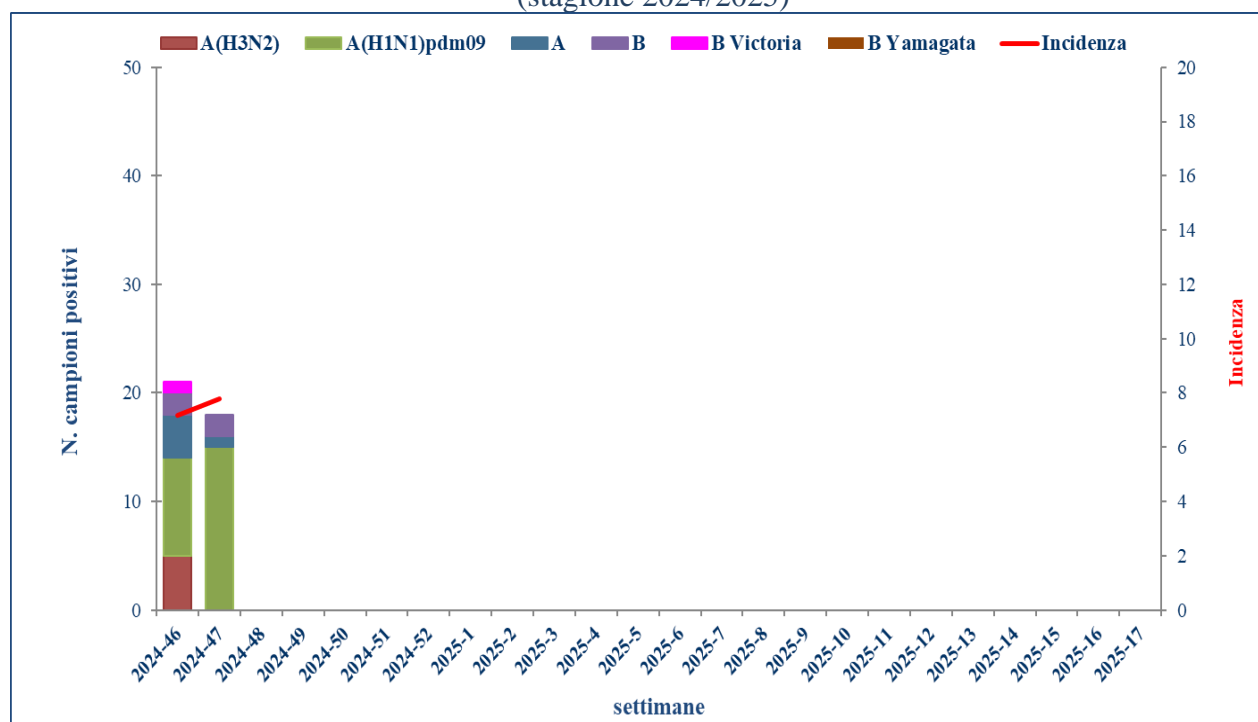


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **RSV** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

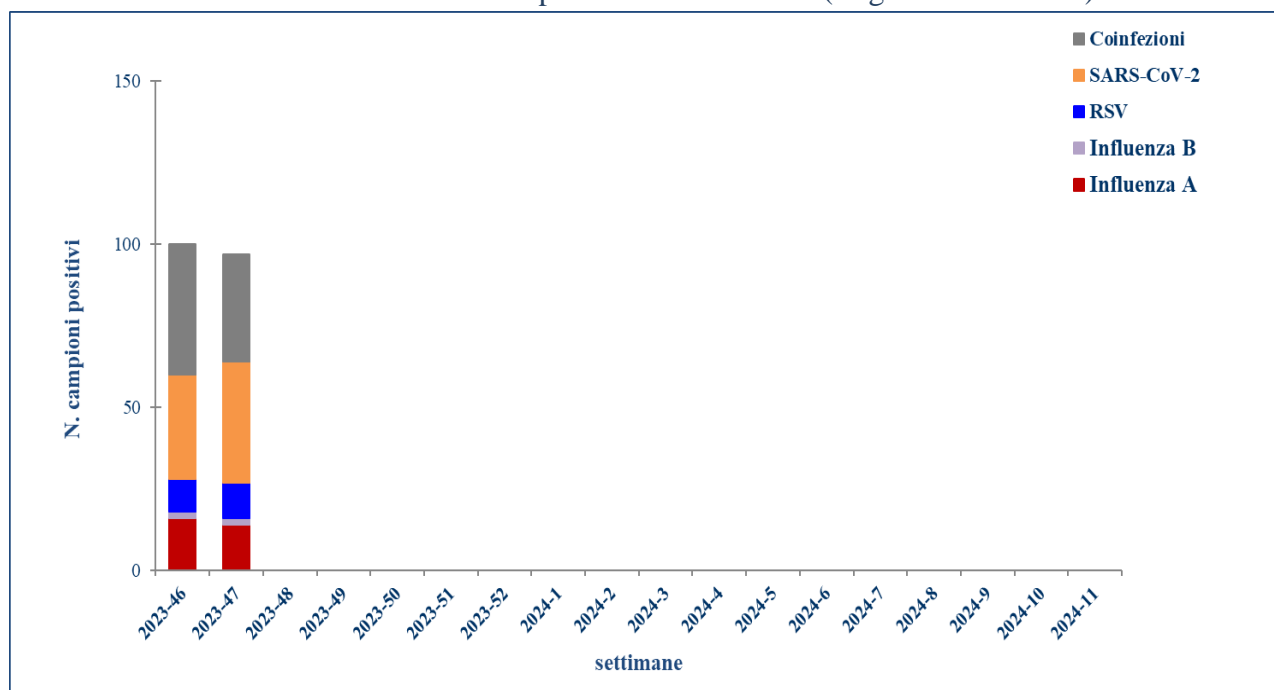


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

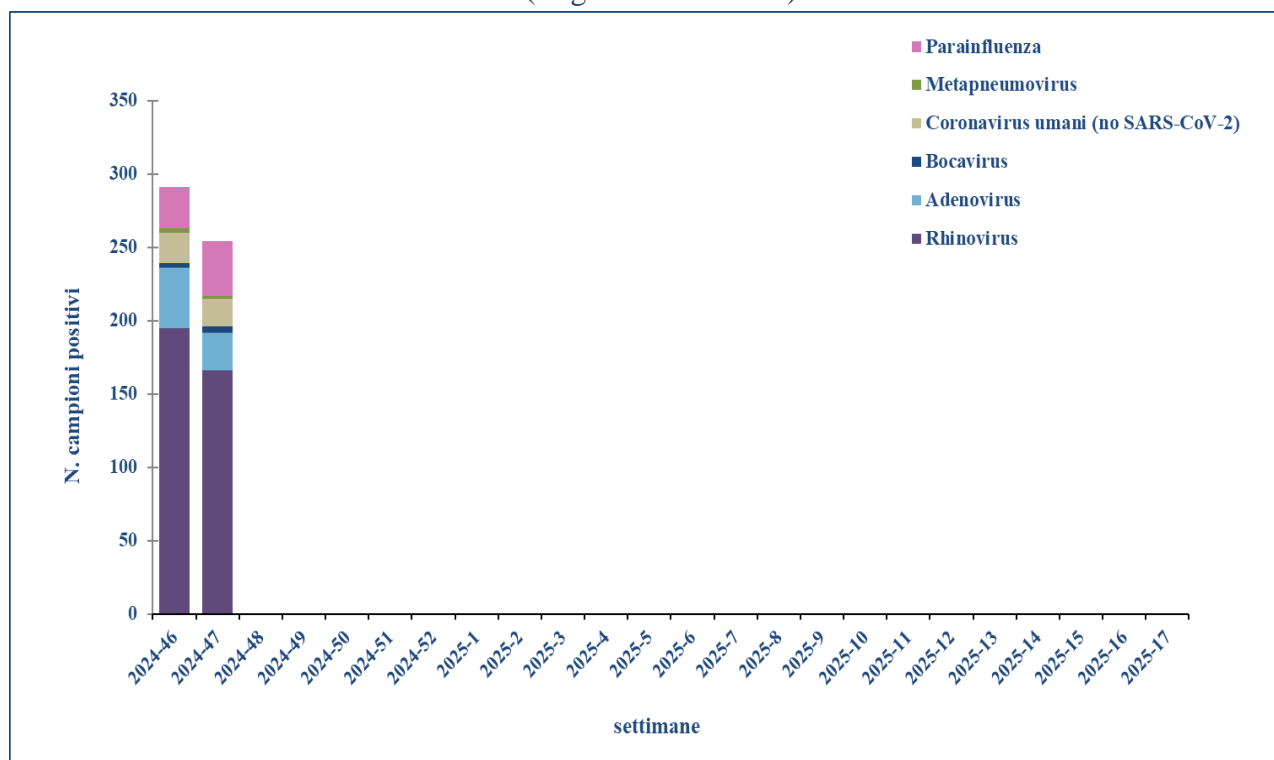
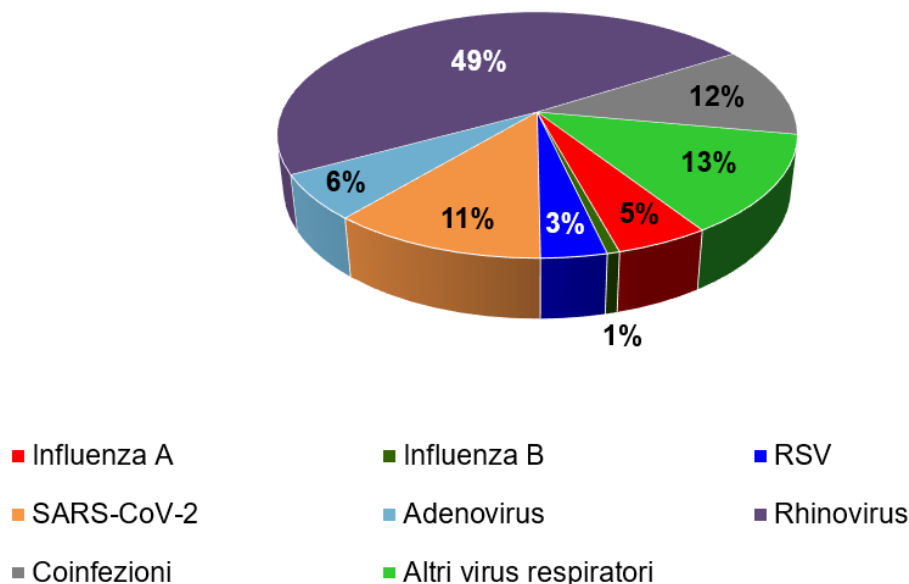


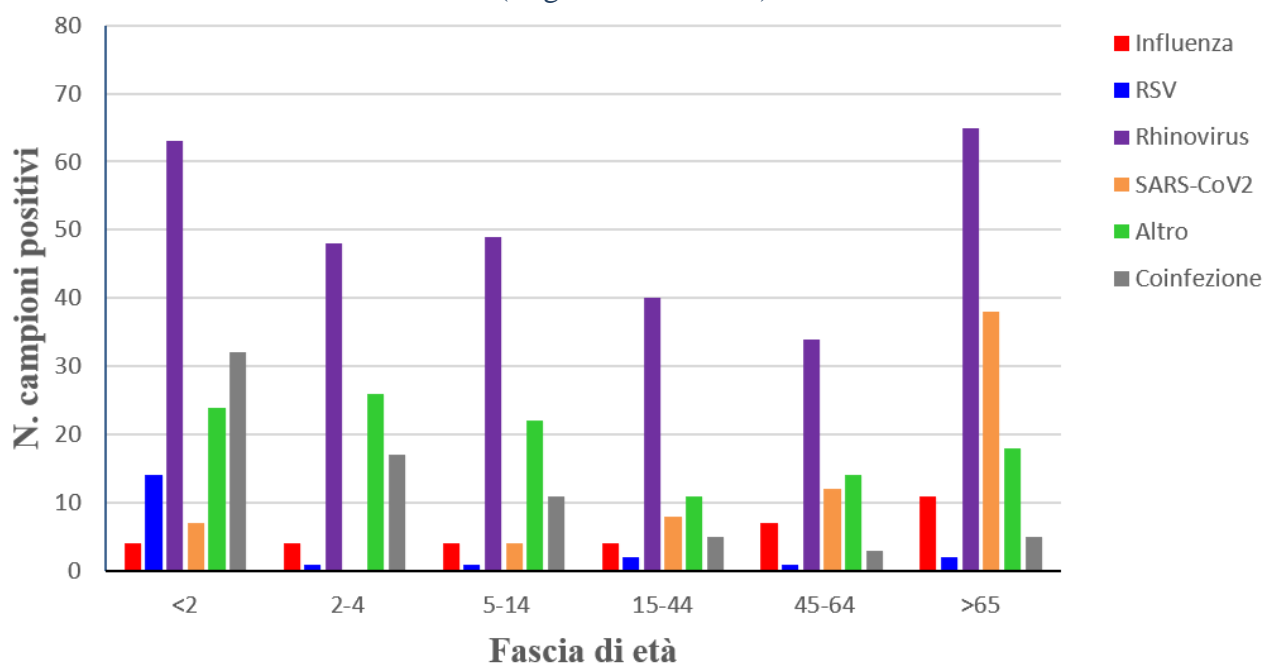
Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-47/2024)



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 2024/2025)



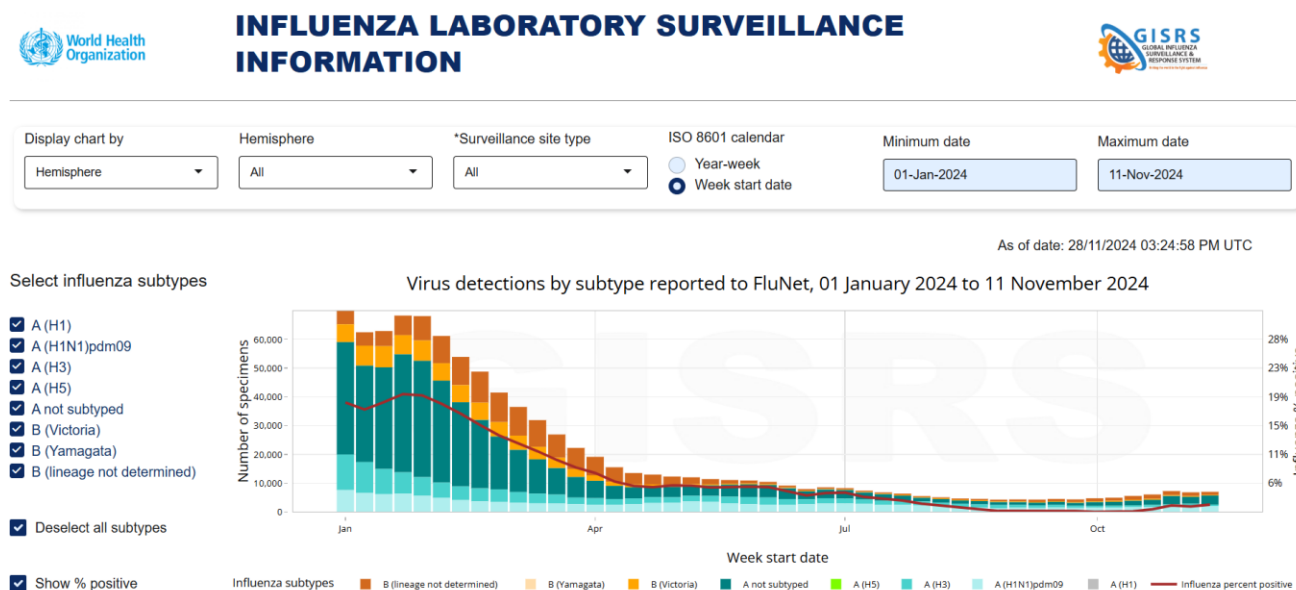
Altro: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali; le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, le identificazioni dei virus influenzali rimangono limitate. Una maggior circolazione viene riportata in alcuni paesi dell'Africa occidentale (prevalentemente associata a virus di tipo B), dell'Africa centrale (associata a virus A/H3N2), dell'Asia occidentale (associata a virus A/H1N1pdm09), dell'Asia meridionale (associata a virus A/H1N1pdm09 e B) e dell'area del sud-est Asiatico (associata ai virus di tipo A).

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

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 47^a settimana di sorveglianza del 2024, come riportato dal WHO ([Global Influenza Programme \(who.int\)](https://www.who.int/global-influenza-programme)).



USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali risulta in leggero aumento, particolarmente tra i bambini, sebbene si mantenga nel complesso a bassi livelli. Durante la settimana 46/2024, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate sia a ceppi di sottotipo A(H1N1)pdm09 e A(H3N2), sia a ceppi di tipo B.

In particolare, nella sopraindicata settimana, sono stati esaminati **993** 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 309 campioni risultati positivi al virus influenzale, 293 (94,8%) appartenevano al tipo A: tra i 211 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 77 (36,5%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09, 129 (61,1%) al sottotipo H3N2 e 5 (2,4%) al sottotipo H5. I restanti 16 (5,2%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 7 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

	Week 46	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	993	9,245
No. of positive specimens	309	1,944
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	293 (94.8%)	1,843 (94.8%)
Subtyping Performed	211 (72.0%)	1,608 (87.2%)
(H1N1)pdm09	77 (36.5%)	718 (44.7%)
H3N2	129 (61.1%)	833 (51.8%)
H3N2v [†]	0	0
H5*	5 (2.4%)	57 (3.5%)
Subtyping not performed	82 (28.0%)	235 (12.8%)
Influenza B	16 (5.2%)	101 (5.2%)
Lineage testing performed	7 (43.8%)	62 (61.4%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	7 (100.0%)	62 (100.0%)
Lineage not performed	9 (56.2%)	39 (38.6%)

*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](#)".

Il CDC riporta che nell'ambito degli 863 ceppi virali, raccolti a partire dal 19 maggio 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 194/349 (55,6%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 155 al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Novantasette ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e il 96,9% di questi ha 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.
- 433/436 (99,3%) 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). Un sottogruppo di 203 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 149 (73,4%) di questi hanno mostrato una buona reattività sia verso il ceppo vaccinale A/Massachusetts/18/2022-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2024/2025 nell'Emisfero Nord.
- 78 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, 28 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 46/2024, nella maggior parte dei paesi europei la circolazione dei virus respiratori si mantiene ai livelli attesi per questo periodo dell'anno.

La circolazione dei **virus influenzali** si mantiene ancora a bassi livelli, mentre la circolazione del **SARS-CoV-2** è in progressiva diminuzione. Le persone di età pari o superiore a 65 anni continuano a rappresentare quelle maggiormente interessate dalle forme cliniche più gravi di infezione e dal rischio di ospedalizzazione.

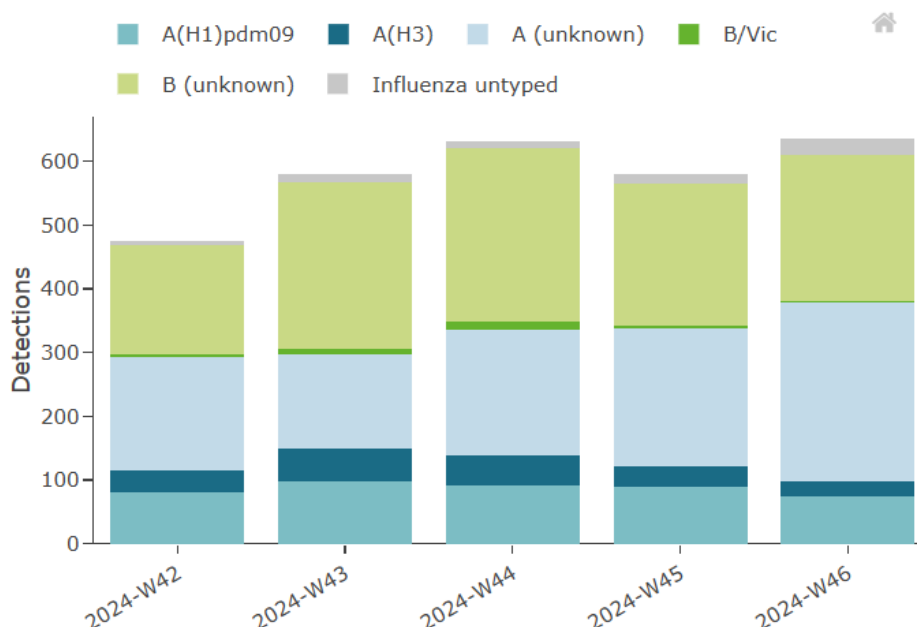
Per quanto riguarda la circolazione del **virus respiratorio sinciziale (VRS)**, in diversi paesi si comincia ad osservare un graduale incremento di campioni positivi.

Nella 46^a settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **611** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 379 (62%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 97 virus sottotipizzati, 75 (77%) sono risultati A(H1)pdm09 e 22 (23%) A(H3).
- 232 (38%) virus sono risultati appartenere al tipo B.

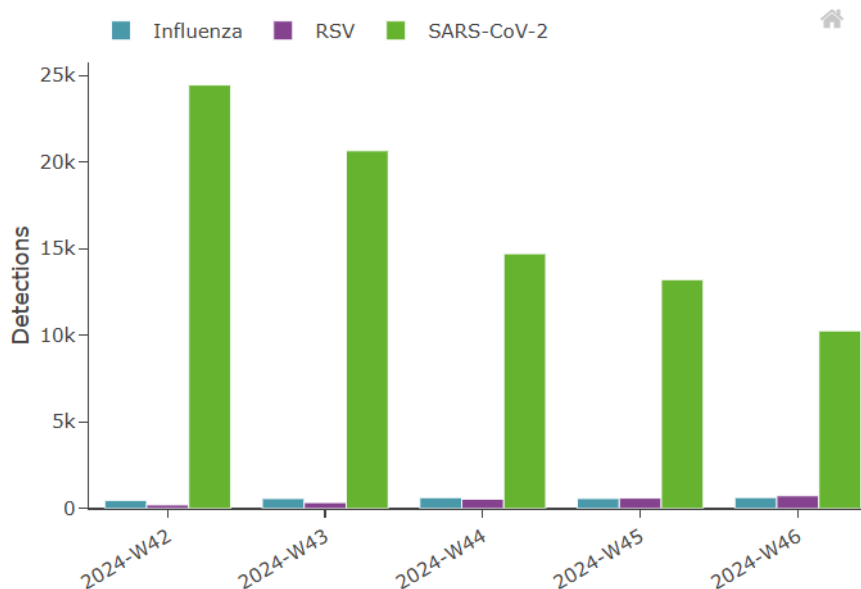
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2024/2025

Aggregate weekly detections



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

Aggregate weekly detections



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 93 ceppi di virus influenzale:

- 51/55 (93%) virus di tipo A, sottotipo H1N1pdm09 analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2a, rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021, e 4 (7%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1, rappresentato dal ceppo A/Victoria/4897/2022.
- 30/30 (100%) virus di tipo A, sottotipo H3N2 sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1, rappresentato dal ceppo A/Thailand/8/2022.
- 8/8 (100%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo 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.