



# Rapporto Virologico RespiVirNet

## Stagione influenzale 2023-2024

**Settimana 2024 – 11**  
**dall' 11 al 17 marzo 2024**

*Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 11/2024 (11-17 marzo 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 11/2024, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **3%**, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (4,8%).
- Dall'inizio della stagione, i **virus influenzali di tipo A** risultano largamente **prevalenti** (94%) rispetto ai virus di **tipo B** e appartengono per la maggior parte al sottotipo **H1N1pdm09**.
- Si osserva una progressiva diminuzione nella circolazione della maggior parte dei virus respiratori sotto monitoraggio. Tra i campioni analizzati della settimana 11/2024, **83 (3,7%)** sono risultati positivi per **RSV**, **15 (0,7%)** per **SARS-CoV-2**, mentre 412 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 148 Rhinovirus, 103 Metapneumovirus, 58 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 49 Adenovirus, 40 virus Parainfluenzali e 14 Bocavirus.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 11 (5,62 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 22/03/2024*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus, RSV e virus influenzali.

## ITALIA

Durante la settimana 11/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.242** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **69 (3%)** sono risultati positivi per **influenza**, 22 di tipo **A** (9 di sottotipo **H1N1pdm09**, 7 **H3N2** e 6 non ancora sottotipizzati) e 47 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 7.218 ceppi di tipo A (94%), prevalentemente appartenenti al sottotipo H1N1pdm09, e 472 di tipo B (6%) (Tabella 2a).

Si osserva una progressiva diminuzione nella circolazione dei virus influenzali e della maggior parte degli altri virus respiratori sotto monitoraggio. In particolare, nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 83 (3,7%) sono risultati positivi per **RSV**, 15 (0,7%) per **SARS-CoV-2**, mentre 412 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 148 **Rhinovirus**, 103 Metapneumovirus, 58 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 49 Adenovirus, 40 virus Parainfluenzali e 14 Bocavirus (Tabella 2b).

Durante la settimana 11/2024, sono state segnalate 3 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, una dal laboratorio di Bolzano (coinfezione con Metapneumovirus) e 2 dal laboratorio di Padova.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 11 (5,62 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 22/03/2024*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus, RSV e virus influenzali (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 11<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
COSENZA	AO "Annunziata"	F. Greco
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
GENOVA	UNIVERSITA'	G. Icardi
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	M.G. Coppola
PADOVA	UNIVERSITA'	A. Dei Tos

<b>PALERMO</b>	UNIVERSITA'	F. Vitale
<b>PARMA</b>	UNIVERSITA'	P. Affanni, M.E. Colucci
<b>PAVIA</b>	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
<b>PERUGIA</b>	UNIVERSITA'	B. Camilloni
<b>PESCARA</b>	PO "Santo Spirito"	P. Fazii
<b>POTENZA</b>	AOR "San Carlo"	A. Picerno
<b>ROMA</b>	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
<b>SASSARI</b>	UNIVERSITA'	S. Rubino
<b>TORINO</b>	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
<b>TRIESTE</b>	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	09	10	11	TOT
<b>FLU A</b>	<b>22</b>	<b>51</b>	<b>117</b>	<b>162</b>	<b>494</b>	<b>798</b>	<b>1173</b>	<b>1145</b>	<b>974</b>	<b>717</b>	<b>511</b>	<b>371</b>	<b>270</b>	<b>168</b>	<b>110</b>	<b>59</b>	<b>54</b>	<b>22</b>	<b>7.218</b>
A	0	0	2	10	28	61	198	236	155	109	80	50	35	26	18	14	10	6	1.038
A(H3N2)	3	3	5	2	7	25	22	35	33	24	22	22	24	21	16	16	25	7	312
A(H1N1)pdm09	19	48	110	150	459	712	953	874	786	584	409	299	211	121	76	29	19	9	5.868
<b>FLU B</b>	<b>0</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>8</b>	<b>7</b>	<b>16</b>	<b>23</b>	<b>27</b>	<b>63</b>	<b>59</b>	<b>70</b>	<b>62</b>	<b>58</b>	<b>47</b>	<b>472</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>22</b>	<b>55</b>	<b>119</b>	<b>164</b>	<b>501</b>	<b>806</b>	<b>1182</b>	<b>1153</b>	<b>981</b>	<b>733</b>	<b>534</b>	<b>398</b>	<b>333</b>	<b>227</b>	<b>180</b>	<b>121</b>	<b>112</b>	<b>69</b>	<b>7.690*</b>

\*Su un totale di 50.128 campioni clinici ricevuti dai Laboratori

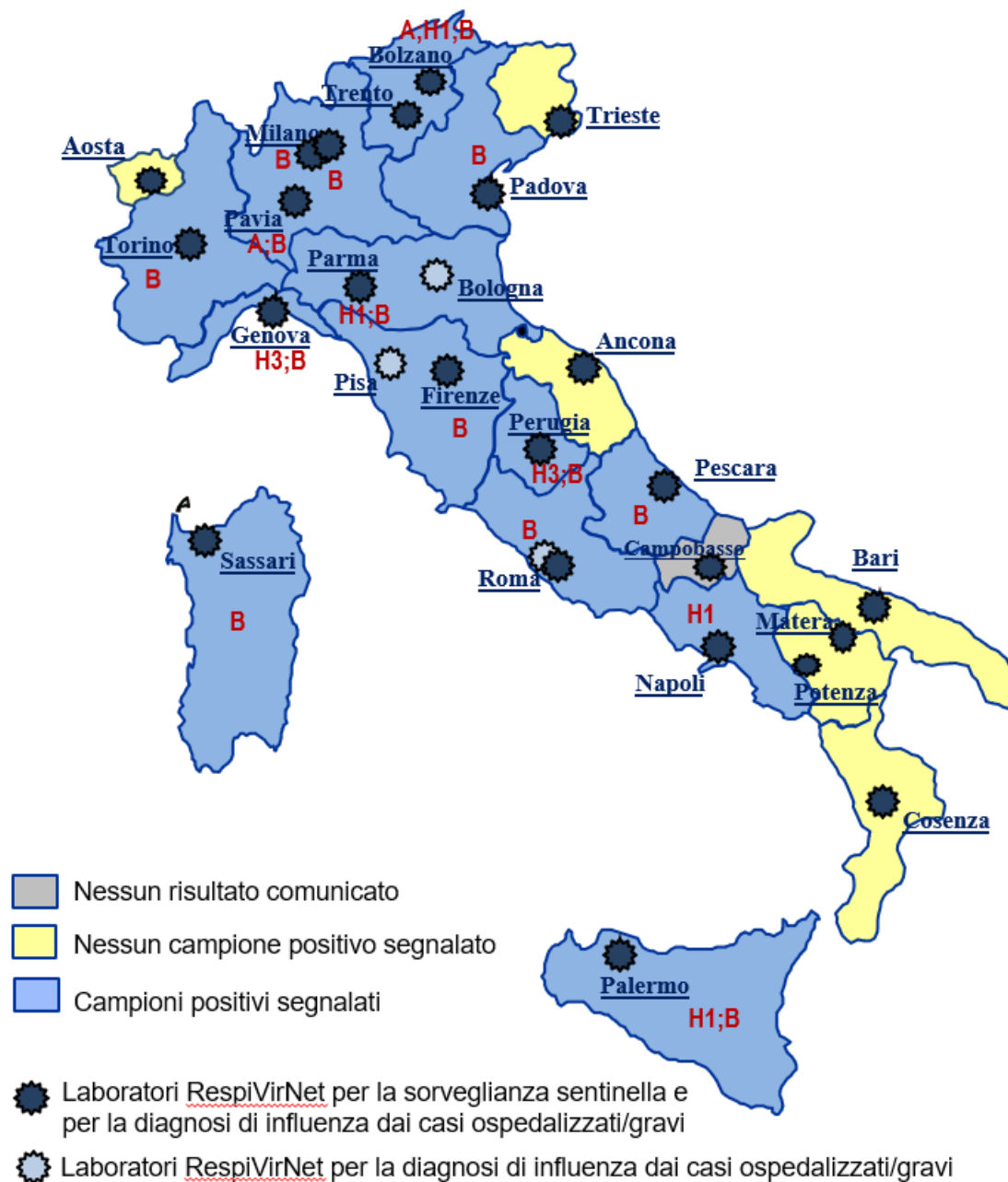
*N.B. I dati indicati sono da considerarsi in fase di consolidamento e possono pertanto subire fluttuazioni nel corso della stagione di sorveglianza*

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

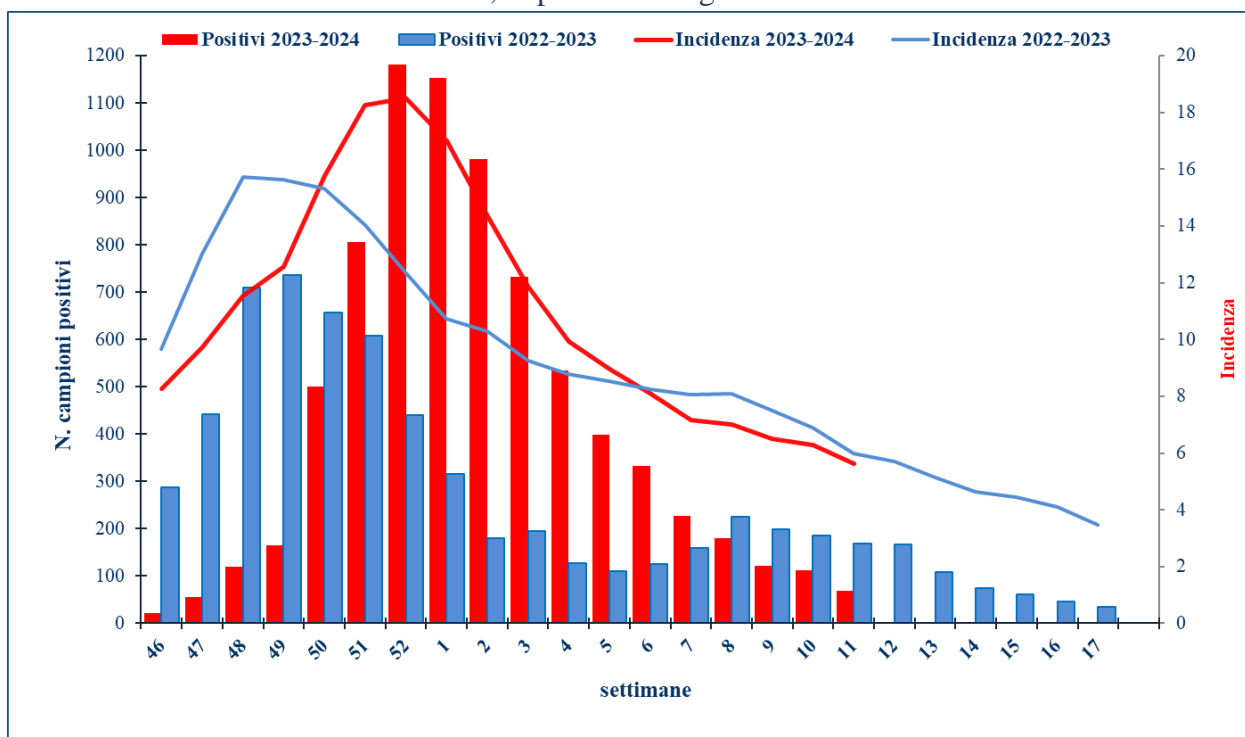
	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	TOT
<b>SARS-CoV-2</b>	<b>182</b>	<b>333</b>	<b>418</b>	<b>402</b>	<b>521</b>	<b>438</b>	<b>350</b>	<b>344</b>	<b>222</b>	<b>167</b>	<b>128</b>	<b>75</b>	<b>65</b>	<b>60</b>	<b>41</b>	<b>17</b>	<b>17</b>	<b>15</b>	<b>3795</b>
<b>Adenovirus</b>	<b>45</b>	<b>33</b>	<b>40</b>	<b>36</b>	<b>52</b>	<b>38</b>	<b>42</b>	<b>36</b>	<b>40</b>	<b>23</b>	<b>37</b>	<b>43</b>	<b>42</b>	<b>44</b>	<b>48</b>	<b>39</b>	<b>47</b>	<b>49</b>	<b>734</b>
<b>Bocavirus</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>7</b>	<b>7</b>	<b>16</b>	<b>10</b>	<b>12</b>	<b>21</b>	<b>24</b>	<b>14</b>	<b>12</b>	<b>16</b>	<b>15</b>	<b>14</b>	<b>183</b>
<b>Coronav. (no SARS-CoV2)</b>	<b>11</b>	<b>10</b>	<b>17</b>	<b>25</b>	<b>25</b>	<b>24</b>	<b>30</b>	<b>30</b>	<b>42</b>	<b>32</b>	<b>61</b>	<b>64</b>	<b>71</b>	<b>65</b>	<b>54</b>	<b>53</b>	<b>47</b>	<b>58</b>	<b>719</b>
<b>Metapneumovirus</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>7</b>	<b>6</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>18</b>	<b>22</b>	<b>22</b>	<b>28</b>	<b>47</b>	<b>46</b>	<b>61</b>	<b>90</b>	<b>114</b>	<b>103</b>	<b>618</b>
<b>Rhinovirus</b>	<b>162</b>	<b>175</b>	<b>171</b>	<b>128</b>	<b>150</b>	<b>148</b>	<b>88</b>	<b>91</b>	<b>118</b>	<b>113</b>	<b>130</b>	<b>110</b>	<b>150</b>	<b>130</b>	<b>129</b>	<b>146</b>	<b>153</b>	<b>148</b>	<b>2440</b>
<b>RSV</b>	<b>34</b>	<b>57</b>	<b>101</b>	<b>118</b>	<b>170</b>	<b>224</b>	<b>262</b>	<b>272</b>	<b>302</b>	<b>329</b>	<b>445</b>	<b>425</b>	<b>410</b>	<b>343</b>	<b>243</b>	<b>183</b>	<b>125</b>	<b>83</b>	<b>4126</b>
<b>Virus Parainfluenzali</b>	<b>15</b>	<b>11</b>	<b>13</b>	<b>12</b>	<b>14</b>	<b>18</b>	<b>17</b>	<b>8</b>	<b>5</b>	<b>15</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>22</b>	<b>19</b>	<b>13</b>	<b>12</b>	<b>25</b>	<b>40</b>	<b>274</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>452</b>	<b>623</b>	<b>770</b>	<b>732</b>	<b>945</b>	<b>906</b>	<b>808</b>	<b>801</b>	<b>763</b>	<b>711</b>	<b>842</b>	<b>774</b>	<b>831</b>	<b>721</b>	<b>601</b>	<b>556</b>	<b>543</b>	<b>510</b>	<b>12.889</b>

*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.*

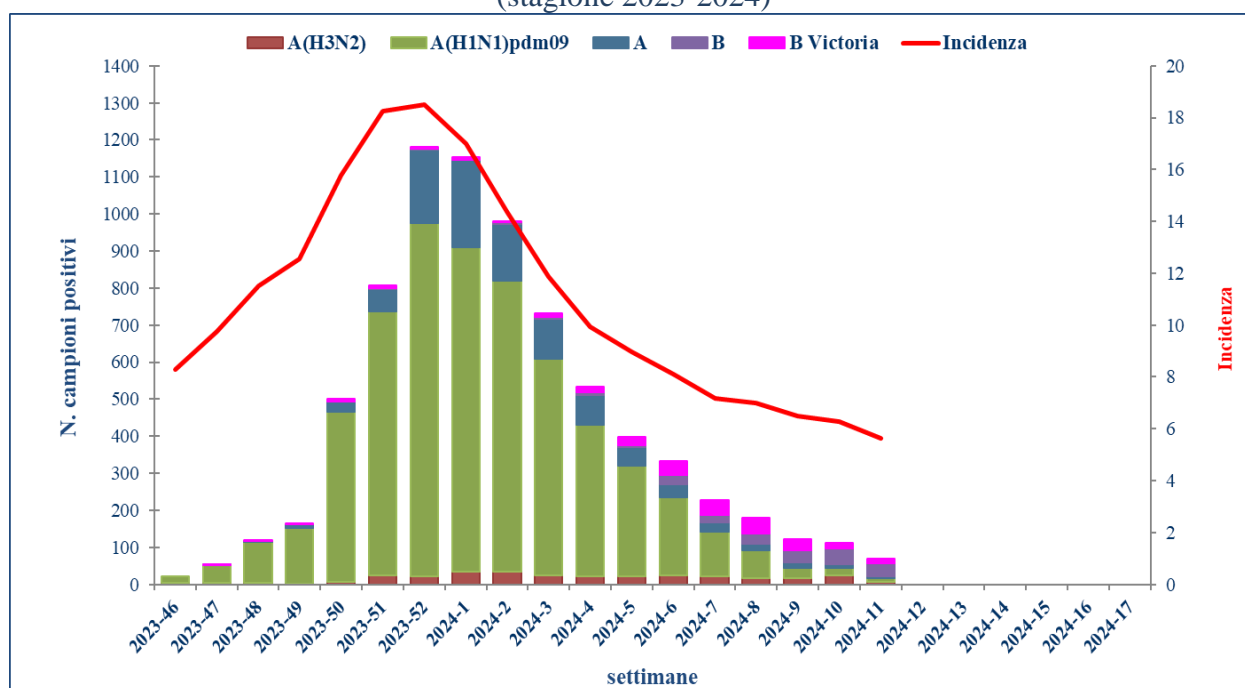
**Figura 1** Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato i dati e le positività al **virus influenzale** nella 11<sup>a</sup> settimana del 2024



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

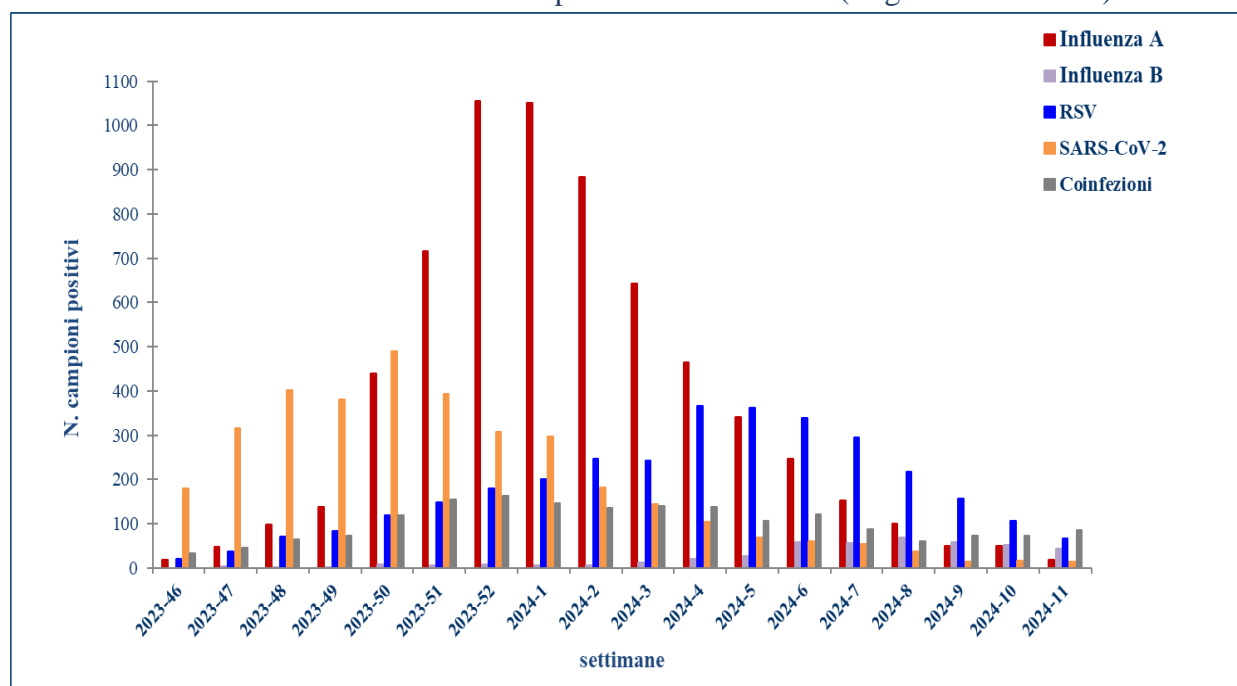


**Figura 3** Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2023-2024)



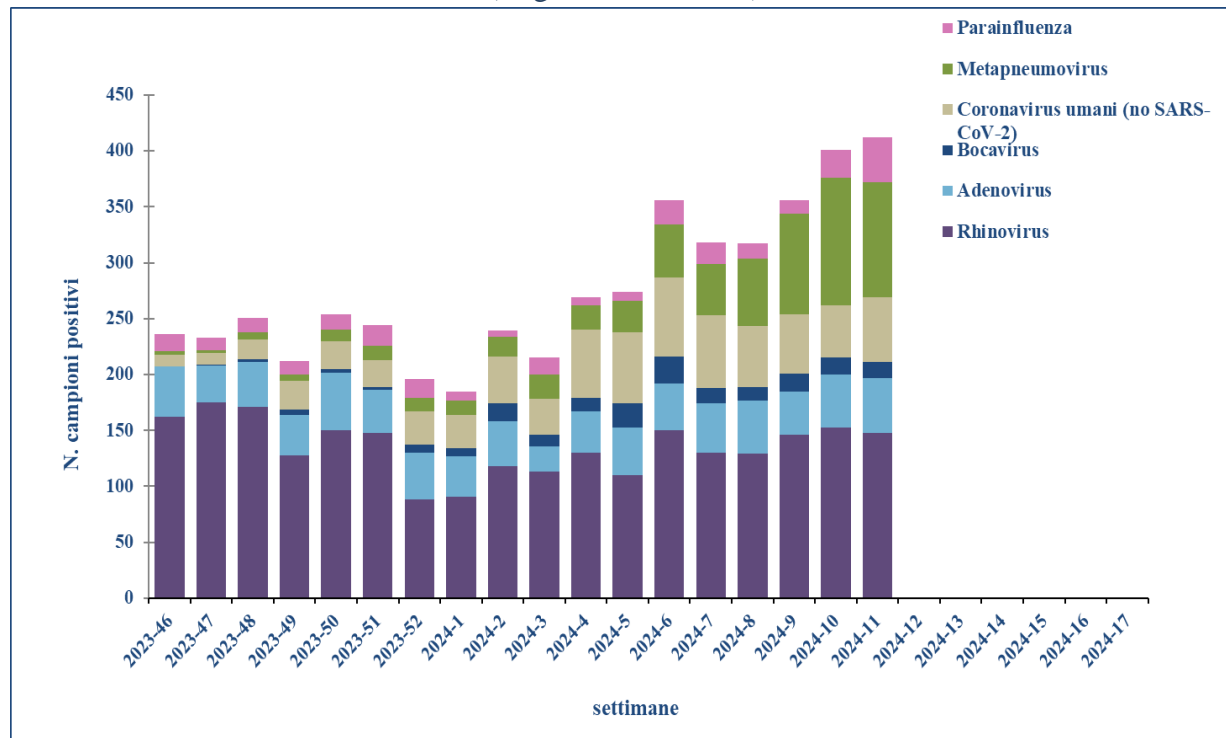
**Figura 4** Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (tipo A e B),

**RSV e SARS-CoV-2 e dei campioni con coinfezioni (stagione 2023-2024)**



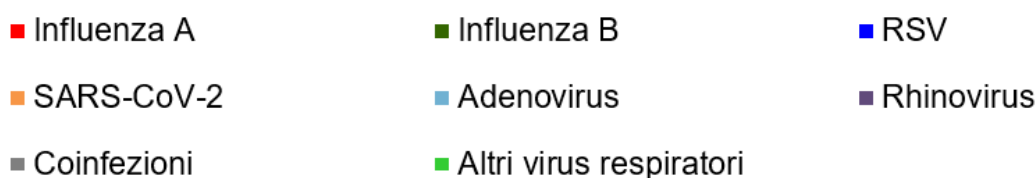
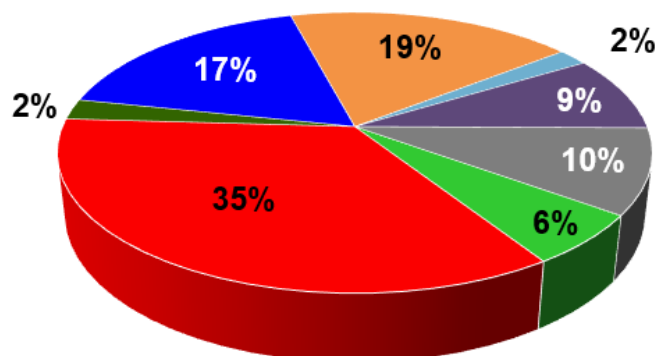
*N.B. Le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo*

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



**Figura 6** Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio

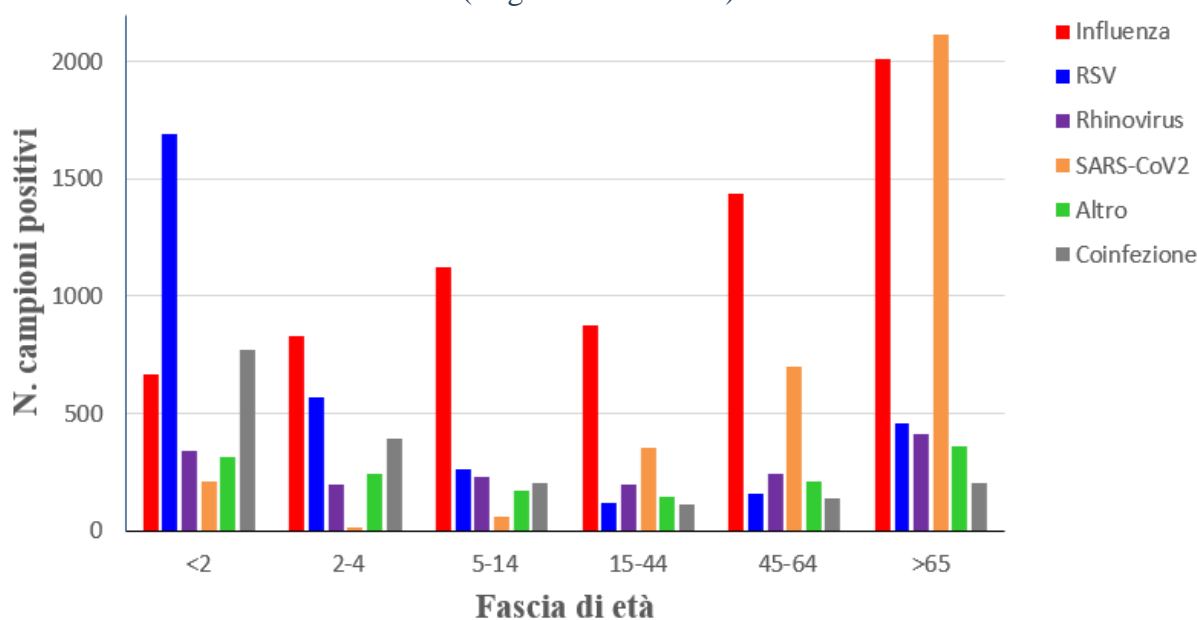
(settimane 46/2023-11/2024)



*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*

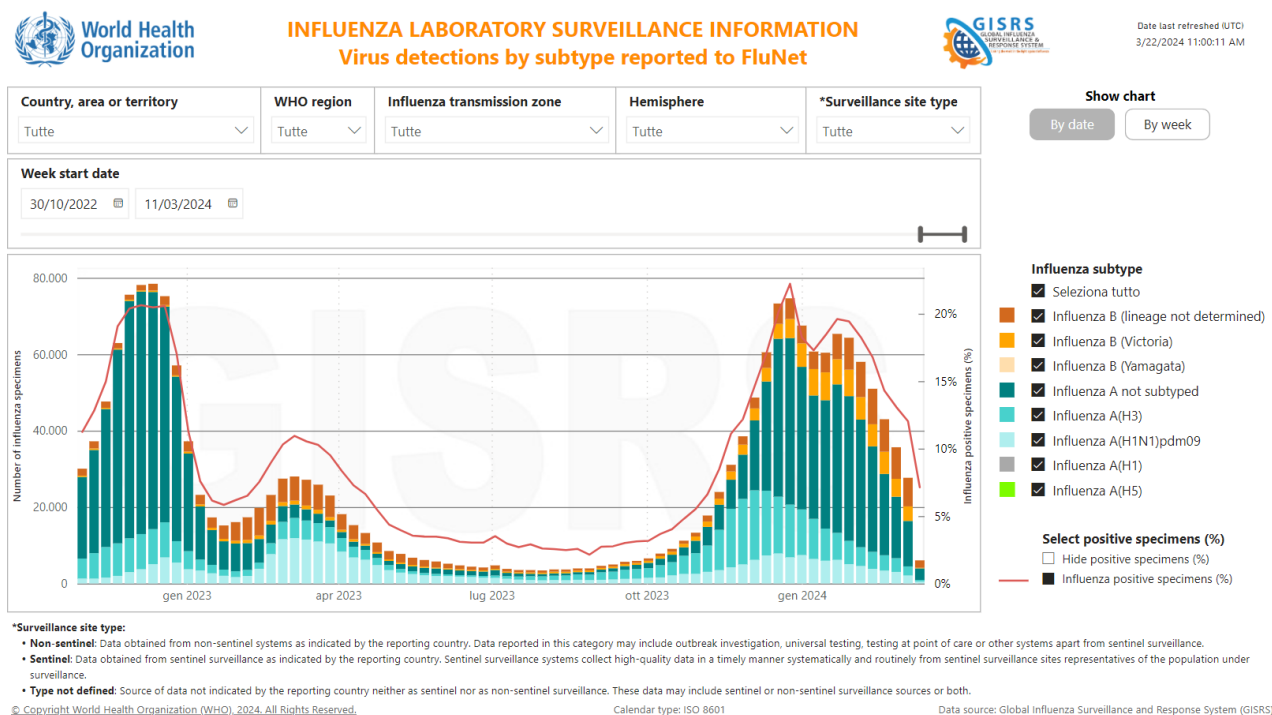
## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente le identificazioni di virus influenzali risultano in diminuzione, sebbene alcuni paesi del nord Africa e dell'America centrale segnalino un lieve incremento nella circolazione dei virus influenzali.

I virus influenzali di tipo A, prevalentemente appartenenti al sottotipo A(H1N1)pdm09, sono risultati predominanti.

Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali è bassa.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 11<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2024.





## USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali si mantiene elevata ma stabile. Durante la settimana 10/2024, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate, in proporzioni simili, ai ceppi di sottotipo A(H1N1)pdm09, A(H3N2) e ai ceppi di tipo B.

In particolare, nella settimana 10/2024, sono stati testati **2.307** 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 575 campioni risultati positivi al virus influenzale, 384 (67%) appartengono al tipo A, nell'ambito dei quali il 55% dei campioni sottotipizzati appartiene al sottotipo H1N1pdm09 e il 45% al sottotipo H3N2. I restanti 191 (33%) campioni appartengono al tipo B, 147 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

	Week 10	Data Cumulative since October 1, 2023 (Week 40)
No. of specimens tested	2,307	87,432
No. of positive specimens	575	28,235
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	384 (66.8%)	22,468 (79.6%)
Subtyping Performed	258 (67.2%)	18,378 (81.8%)
(H1N1)pdm09	141 (54.7%)	13,557 (73.8%)
H3N2	117 (45.3%)	4,821 (26.2%)
H3N2v	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Subtyping not performed	126 (32.8%)	4,090 (18.2%)
Influenza B	191 (33.2%)	5,767 (20.4%)
Lineage testing performed	147 (77.0%)	4,874 (84.5%)
Yamagata lineage	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Victoria lineage	147 (100.0%)	4,874 (100.0%)
Lineage not performed	44 (23.0%)	893 (15.5%)

Il CDC riporta che nell'ambito dei 2.640 ceppi virali, raccolti a partire dal 1° ottobre 2023, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 863/1.148 (75,2%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 285 al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Centosettantadue 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.
- 774/777 (99,6%) 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 192 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 190 (99%) di questi hanno mostrato 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.
- 715 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, 106 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 10/2024, la circolazione dei virus respiratori risulta nel complesso in diminuzione nella maggior parte dei paesi europei, sebbene molti di questi continuino a riportare, tra i campioni provenienti dal flusso sentinella, una percentuale di positività per influenza superiore al 10%.

La circolazione dei **virus influenzali**, prevalentemente appartenenti al sottotipo A(H1N1)pdm09, risulta in progressivo calo nelle ultime settimane. Si registra un lieve incremento nella proporzione delle identificazioni dei virus di tipo B rispetto ai virus di tipo A. Tuttavia, il numero dei virus B identificati si mantiene a bassi livelli.

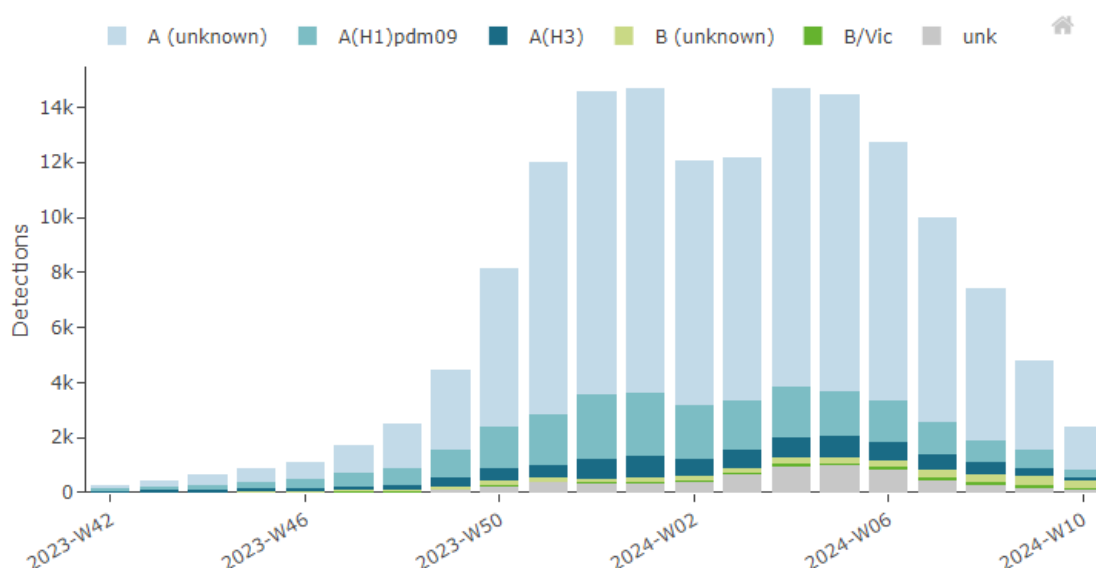
La circolazione del **SARS-CoV-2** risulta a livelli base, mentre quella relativa a **RSV** è in diminuzione ma con un andamento variabile nei diversi paesi.

Nella 10<sup>a</sup> settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **2.271** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 1.984 (87%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 374 virus sottotipizzati, 258 (69%) sono risultati A(H1)pdm09 e 116 (31%) A(H3).
- 287 (13%) virus sono risultati appartenere al tipo B, 18 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

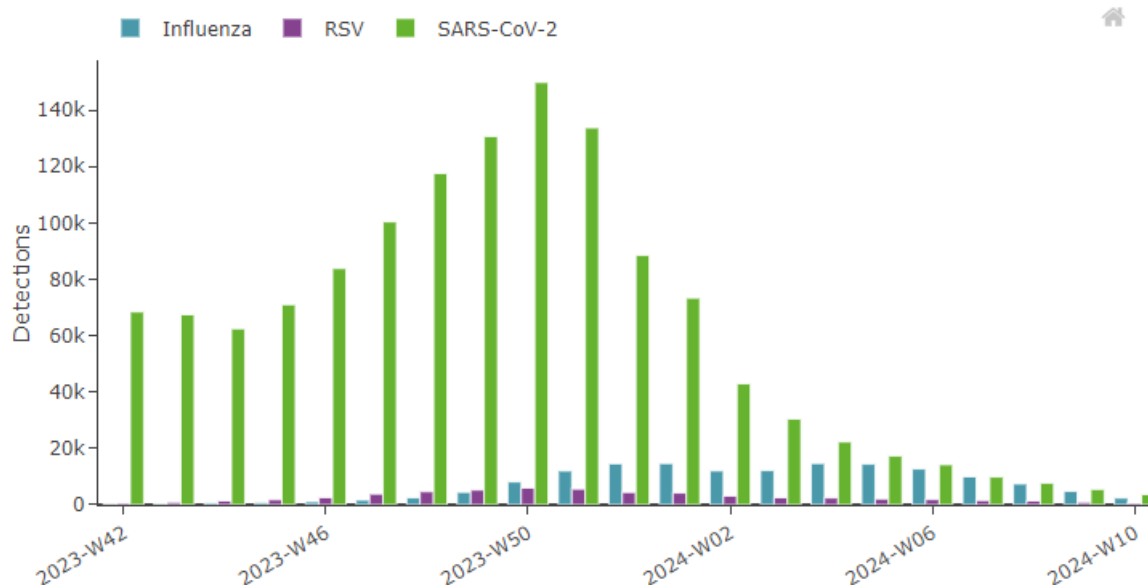
*Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2023/2024*

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 del [European Respiratory Virus Surveillance Summary \(ERVISS\)](#).

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2023, sono stati finora caratterizzati geneticamente 2.858 ceppi di virus influenzale:

- 1.197/2.013 (59%) virus di tipo A, sottotipo H1N1pdm09 analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2a, rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021, e 770 (38%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1, rappresentato dal ceppo A/Victoria/4897/2022.
- 709/752 (94%) 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, 10 al sottogruppo 2a.3a e uno al sottogruppo 2a.3b.
- 93/93 (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.*