



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana 2025 – 05
dal **27 gennaio** al **2 febbraio 2025**

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 05/2025 (27 gennaio – 2 febbraio 2025), 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 settimana 05/2025, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **34%**, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (39,3%). In particolare, su 3.471 campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet, **1.182** sono risultati positivi al **virus influenzale**, 818 di tipo **A** (327 di sottotipo H1N1pdm09, 244 H3N2 e 247 non ancora sottotipizzati) e 364 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati, **336 (9,7%)** sono risultati positivi per **VRS**, **57 (1,6%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 396 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: **157 (4,5%) Rhinovirus**, 98 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 66 Metapneumovirus, 44 Adenovirus, 22 Bocavirus e 9 virus Parainfluenzali.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 05 (16,5 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/05*), tra cui in particolare **virus influenzali**, **VRS** e **Rhinovirus**.
- In questo rapporto viene incluso un aggiornamento relativo ai risultati delle analisi filogenetiche condotte sui geni codificanti per le emagglutinine (HA) dei virus influenzali **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia nella stagione in corso 2024/2025 (Figure 8).
- 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 05/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **3.471** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **1.182 (34%)** sono risultati positivi per **influenza**, 818 di tipo **A** (327 di sottotipo **H1N1pdm09**, 244 **H3N2** e 247 non ancora sottotipizzati) e 364 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 5.049 ceppi di tipo **A** (76,4%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 1.557 di tipo **B** (23,6%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 336 (9,7%) sono risultati positivi per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 157 (4,5%) per **Rhinovirus**, 98 (2,8%) per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 66 (1,9%) per **Metapneumovirus**, 57 (1,6%) per **SARS-CoV-2**, 44 per **Adenovirus**, 22 per **Bocavirus** e 9 per **virus Parainfluenzali** (Tabella 2b).

Durante la settimana 05/2025, sono state inoltre segnalate 12 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, 4 delle quali dal laboratorio di Pescara, 3 da Bolzano, 2 da Milano, 2 da Torino e una da Padova.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 05 (16,5 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/05*), 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 05^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
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
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
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	05	TOT
Influenza A	20	25	41	59	99	187	271	571	857	950	1.151	818	5.049
A non sottotipizzati	1	1	2	11	10	21	49	69	121	133	179	247	844
A(H3N2)	5	2	6	6	19	39	67	189	248	279	349	244	1.453
A(H1N1)pdm2009	14	22	33	42	70	127	155	313	488	538	623	327	2.752
Influenza B	4	6	12	18	30	56	76	125	185	257	424	364	1.557
TOTALE POSITIVI	24	31	53	77	129	243	347	696	1.042	1.207	1.575	1.182	6.606*

*Su un totale di 29.713 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	05	TOT
SARS-CoV-2	53	65	68	97	90	77	69	93	104	94	82	57	949
Adenovirus	61	55	67	91	86	102	77	72	61	69	61	44	846
Bocavirus	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	21	22	164
Coronavirus (no SARS-CoV-2)	23	32	45	75	76	88	82	104	113	136	131	98	1.003
Metapneumovirus	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	73	66	340
Rhinovirus	247	267	312	338	280	287	185	207	217	235	215	157	2.947
VRS	18	29	64	85	139	149	205	207	232	254	396	336	2.114
Virus Parainfluenzali	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	20	9	374
TOTALE POSITIVI	449	508	621	756	723	780	667	759	798	888	999	789	8.737

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 05^a settimana del 2025

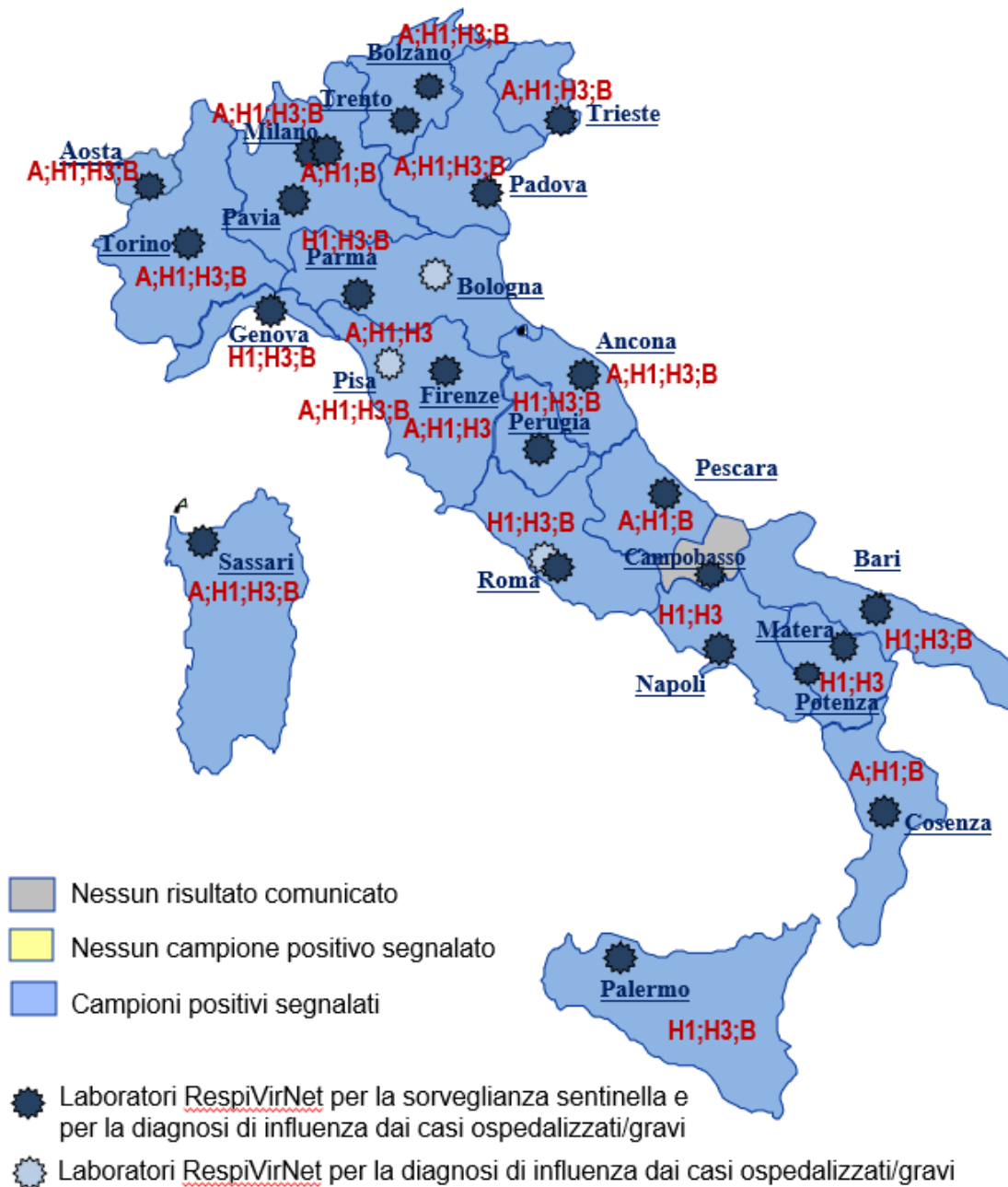


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

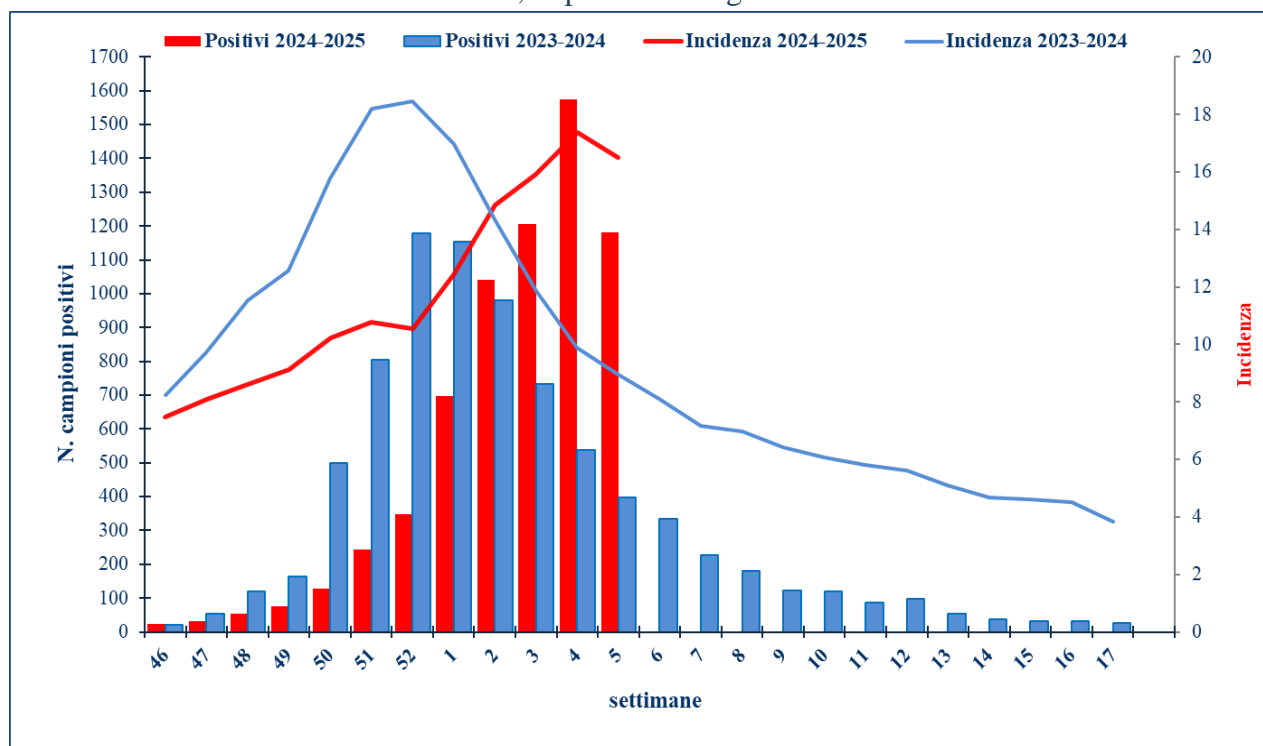


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

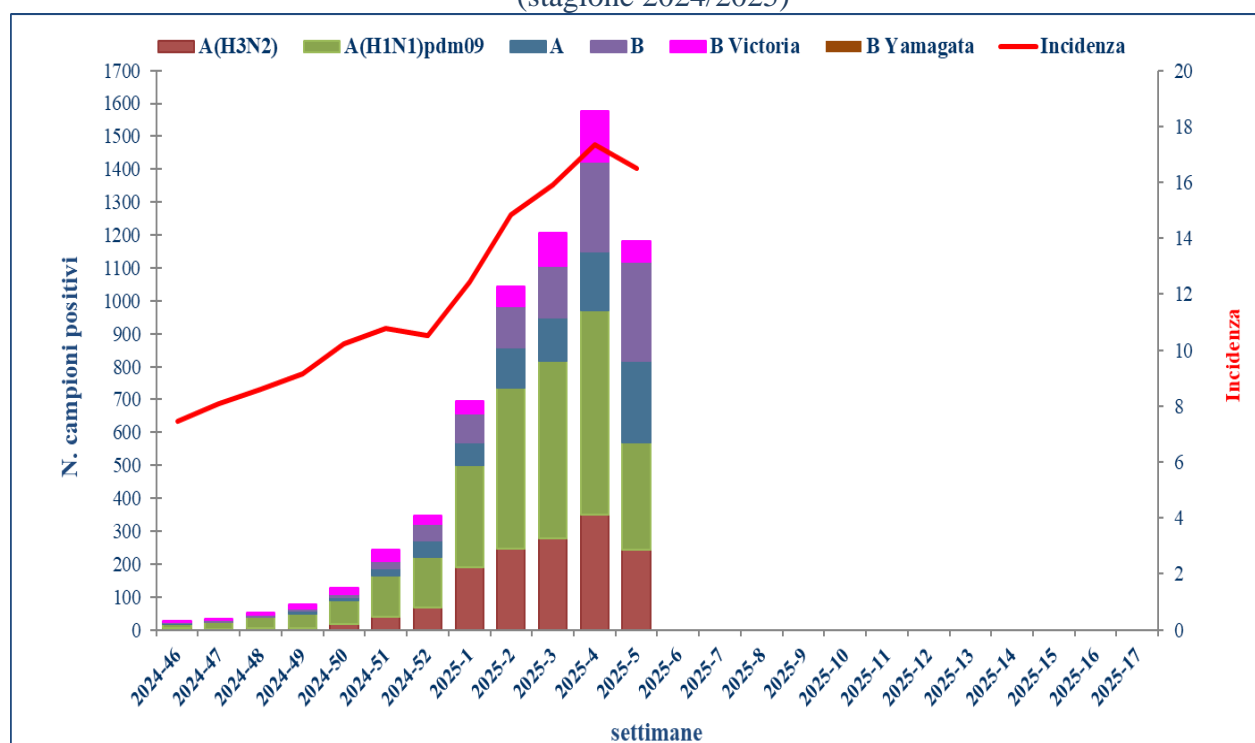


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

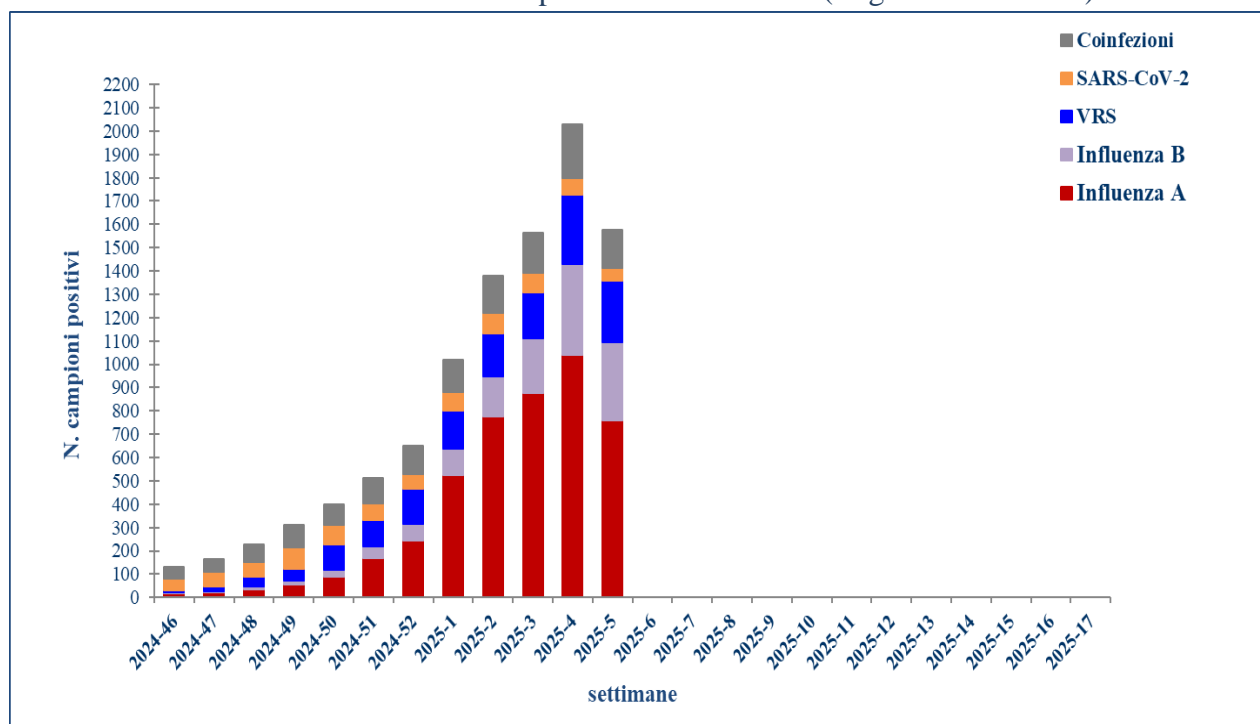


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

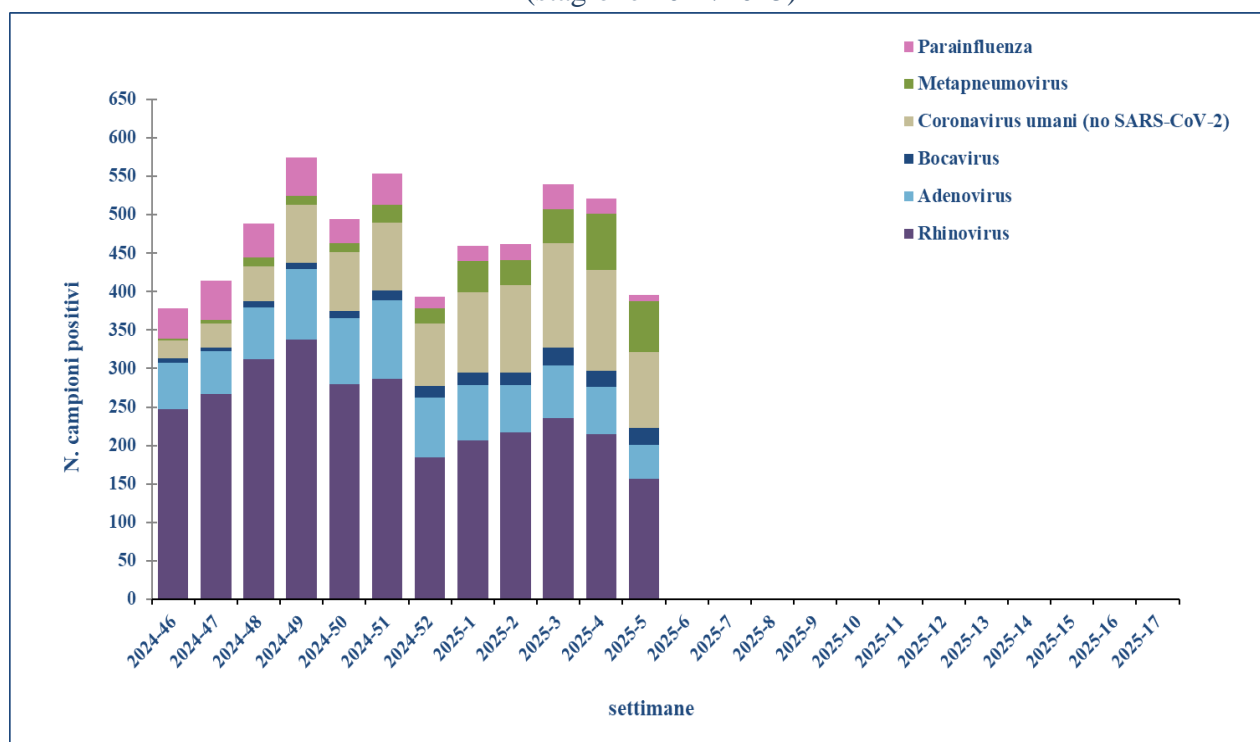
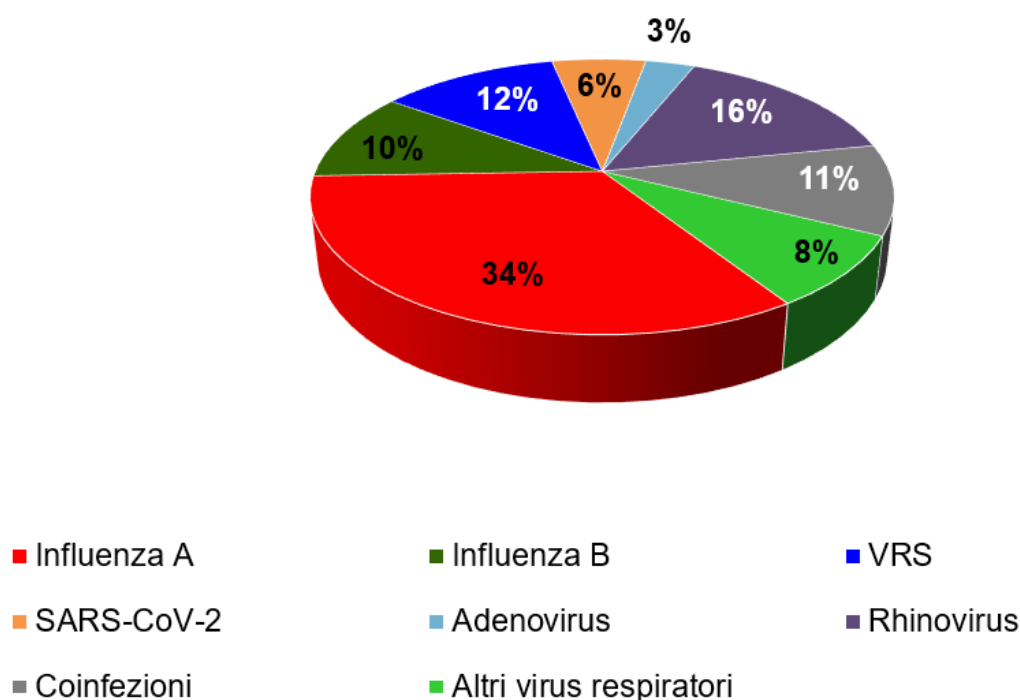
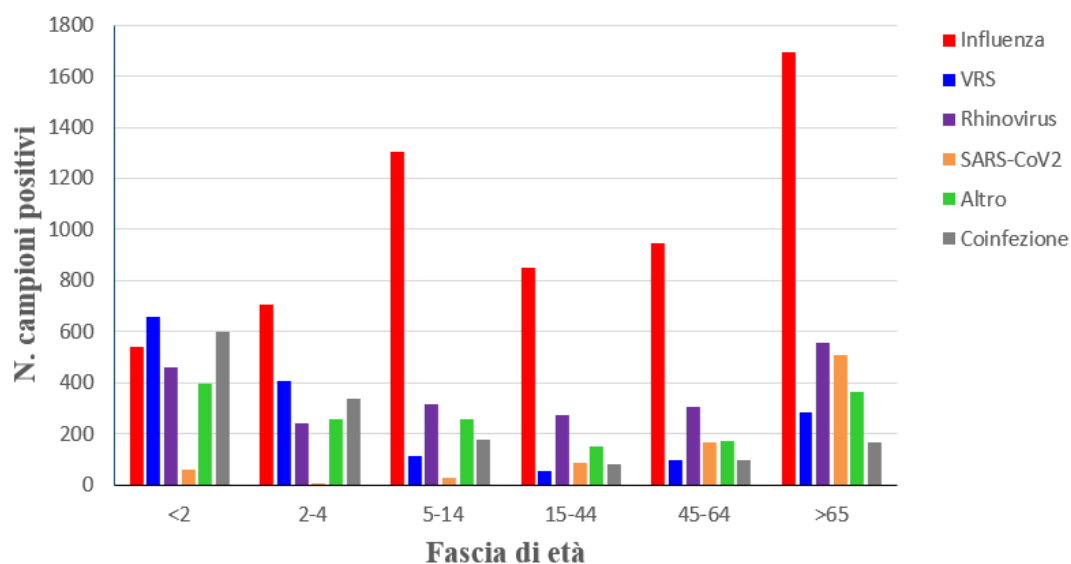


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio
(settimane 46/2024-05/2025)



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

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

Caratteristiche molecolari e analisi filogenetica dei virus influenzali A(H1N1)pdm09 finora identificati in Italia nella stagione 2024-2025

La stagione influenzale 2024-2025 in Italia è stata finora caratterizzata da una co-circolazione di virus influenzali di tipo A e B, con prevalenza di virus di tipo A (76,4% dei campioni risultati positivi all'influenza), rispetto ai virus di tipo B (23,6%). Nell'ambito dei virus A finora sottotipizzati, il 65,4% è risultato appartenere al sottotipo **H1N1pdm09**.

Le analisi molecolari e filogenetiche, condotte fino ad oggi, e relative al gene HA di una selezione di virus influenzali **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia (Figura 8), hanno evidenziato l'appartenenza dei ceppi analizzati ai due gruppi genetici **6B.1A.5a.2a (5a.2a)** e **6B.1A.5a.2a.1 (5a.2a.1)**.

In particolare, la maggior parte dei virus esaminati sono risultati appartenere al *clade* **5a.2a**, *subclade* **C.1.9** (ceppo di riferimento: A/Lisboa/188/2023), caratterizzato dalla sostituzione aminoacidica K169Q. Nell'ambito di questo stesso raggruppamento sono stati, inoltre, identificati altri piccoli sottogruppi caratterizzati da ulteriori cambiamenti aminoacidici: S83P, I510T, I166V e P137S.

Un numero ristretto di virus è risultato, invece, appartenere al *clade* **5a.2a.1**, gruppo genetico a cui appartiene il ceppo A/Victoria/4897/2022 (ceppo vaccinale raccomandato per la stagione 2024-2025).

Figura 8. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di una selezione di virus influenzali A(H1N1)pdm09 identificati in Italia durante la stagione 2024/2025 (analisi effettuate presso il NIC)

Ceppi vaccinali (stagione 2024/2025)

Ceppi di riferimento

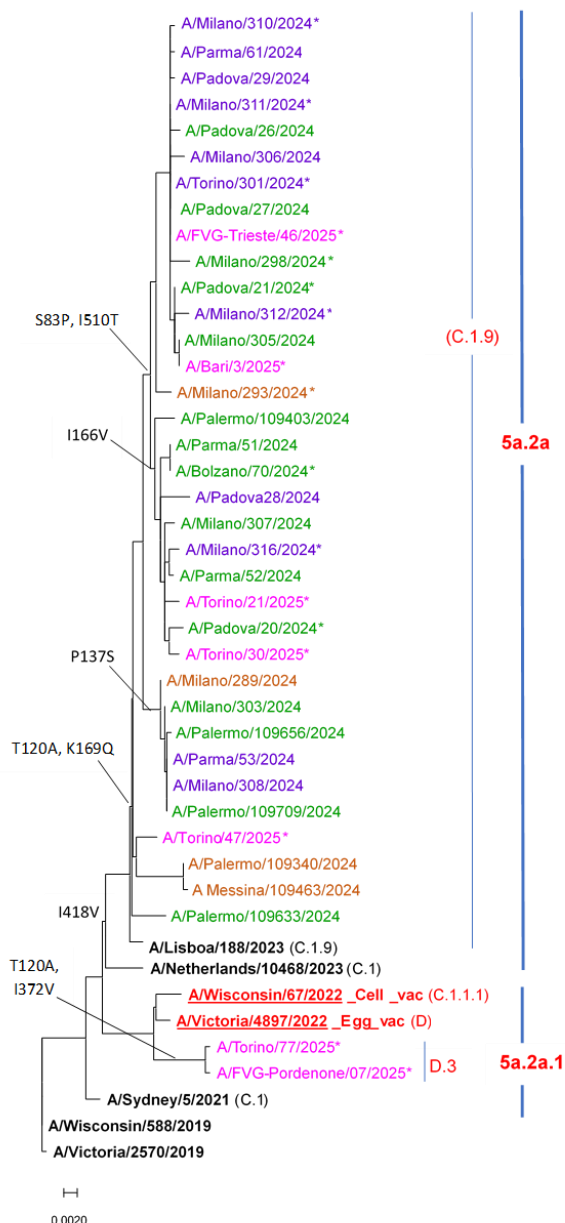
Mese di raccolta campione:

Ottobre 2024

Novembre 2024

Dicembre 2024

Gennaio 2025



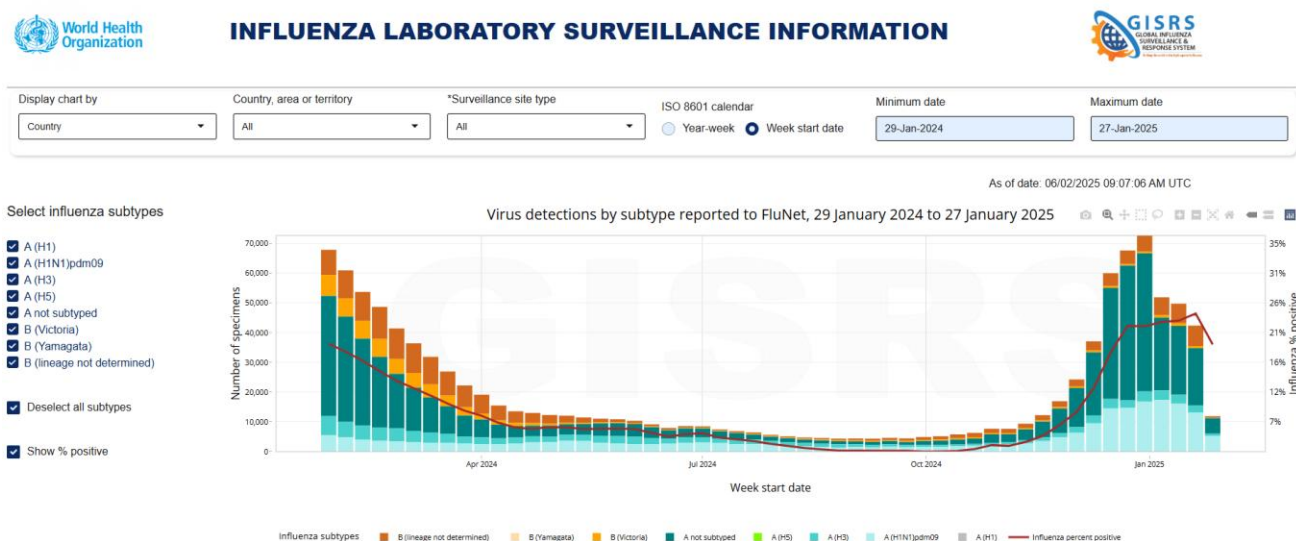
*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

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'Africa orientale (prevalentemente associata a virus B) e del Sud-est Asiatico (prevalentemente associata a virus B) e in Africa orientale (associata a virus A/H1N1pdm09).

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 4^a settimana di sorveglianza del 2025, 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 si mantiene elevata e risulta in aumento in molti stati. Durante la settimana 04/2024, 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 **3.495** 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 2.693 campioni risultati positivi al virus influenzale, 2.642 (98,1%) appartenevano al tipo A: tra i 2.150 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 1.081 (50,3%) sono risultati appartenere al sottotipo H3N2 e 1.069 (49,7%) al sottotipo H1N1pdm09. I restanti 51 (1,9%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 11 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 4	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	3,495	50,454
No. of positive specimens	2,693	30,273
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	2,642 (98.1%)	29,473 (97.4%)
Subtyping Performed	2,150 (81.4%)	26,082 (88.5%)
(H1N1)pdm09	1,069 (49.7%)	12,005 (46.0%)
H3N2	1,081 (50.3%)	13,999 (53.7%)
H3N2v	0	0
H5*	0	78 (0.3%)
Subtyping not performed	492 (18.6%)	3,391 (11.5%)
Influenza B	51 (1.9%)	800 (2.6%)
Lineage testing performed	11 (21.6%)	382 (47.8%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	11 (100.0%)	382 (100.0%)
Lineage not performed	40 (78.4%)	418 (52.2%)

*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 1.333 ceppi virali, raccolti a partire dal 29 settembre 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 216/491 (57,3%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a, gli altri 161 (42,7%) 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.
- 525/739 (99,1%) 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 132 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 55 (41,7%) 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.
- 103 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, 15 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 4^a settimana del 2025 si registra ancora 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**, alcuni paesi hanno segnalato di aver superato il picco mentre in altri si osserva un aumento della percentuale di positività al virus tra i campioni raccolti dai medici sentinella. Tra i bambini di età <5 anni si osservano i quadri clinici più severi e il maggior rischio di ospedalizzazione.

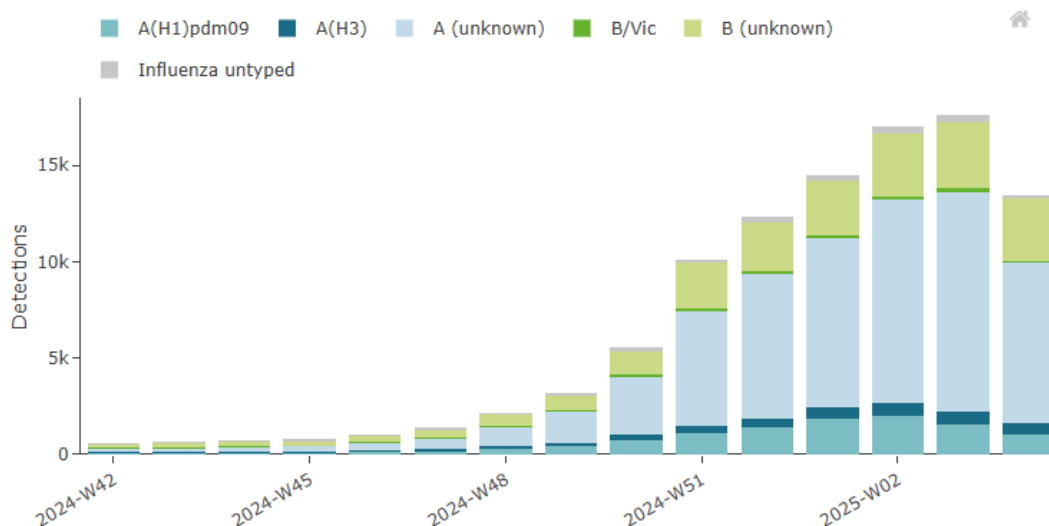
La circolazione del **SARS-CoV-2** risulta attualmente bassa.

Nella 4^a settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **13.374** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 9.975 (74,6%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 1.617 virus sottotipizzati, 1.032 (63,8%) sono risultati A(H1)pdm09 e 585 (36,2%) A(H3).
- 3.399 (25,4%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 68 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

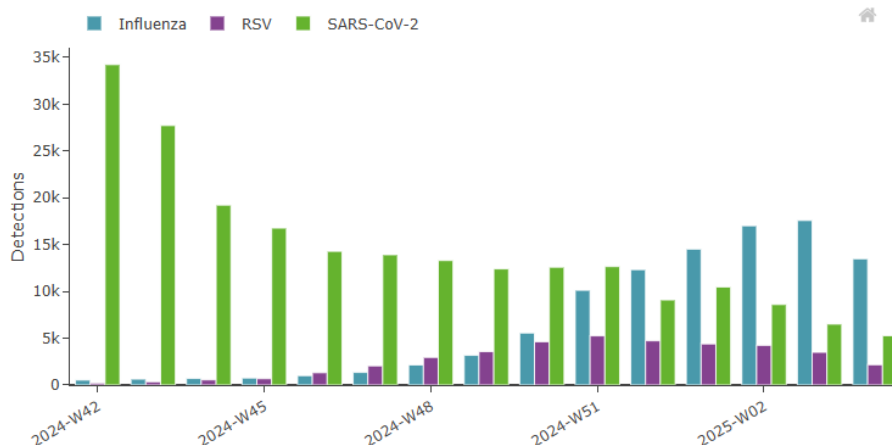
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2024/2025

Aggregate weekly detections



Andamento settimanale delle identificazioni di campioni positivi per Influenza, VRS 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 1.316 ceppi di virus influenzale:

- 530/570 (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, 35 (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.
- 175/269 (65%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 41 (15%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024, 42 (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.
- 355/477 (74%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 61 (13%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024, 41 (9%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e 9 (1,9%) 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.