



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana 2025 – 08
dal 17 al 23 febbraio 2025

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 08/2025 (17 - 23 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 08/2025, si registra un ulteriore decremento nella percentuale dei **campioni risultati positivi per influenza (28%)**, rispetto alla settimana precedente (33%).
- Tra i 3.016 campioni ricevuti dai laboratori della rete RespiVirNet, **846** sono risultati positivi per **influenza**, di cui 465 di tipo **A** (206 di sottotipo H3N2, 116 H1N1pdm09 e 143 non ancora sottotipizzati) e 381 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati nell'ottava settimana, **343 (11,4%)** sono risultati positivi per **VRS**, **24 (0,8%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 537 sono risultati positivi per altri virus respiratori (**223 (7,4%) Rhinovirus**, 111 Metapneumovirus, 101 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 64 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 (12,3 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/08*), 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).
- In questo report è inclusa una sintesi del comunicato relativo alle **raccomandazioni** dell'OMS per la **composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2025/2026** (emisfero Nord).

ITALIA

Durante la settimana 08/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **3.016** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **846 (28%)** sono risultati positivi per **influenza**, 465 di tipo **A** (206 di sottotipo **H3N2**, 116 **H1N1pdm09** e 143 non ancora sottotipizzati) e 381 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 7.276 ceppi di tipo **A** (70,5%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 3.040 di tipo **B** (29,5%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 343 (11,4%) sono risultati positivi per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 223 (7,4%) per **Rhinovirus**, 111 (3,7%) per **Metapneumovirus**, 101 (3,3%) per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 64 per **Adenovirus**, 24 (0,8%) per **SARS-CoV-2**, 20 per **Bocavirus** e 18 per **virus Parainfluenzali** (Tabella 2b).

Durante la settimana 08/2025, sono state inoltre segnalate 7 diagnosi di **Mycoplasma pneumoniae**, 4 delle quali dal laboratorio di Bolzano, una da Aosta, una da Padova e una da Pescara.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella ottava settimana (12,3 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/08*), 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 08^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
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	06	07	08	TOT
Influenza A	20	25	41	59	99	187	271	574	865	959	1.173	1.083	769	686	465	7.276
A non sottotipizzati	1	1	2	11	10	21	49	68	120	133	176	161	120	153	143	1.169
A(H3N2)	5	2	6	6	19	39	67	189	250	284	355	391	320	277	206	2.416
A(H1N1)pdm2009	14	22	33	42	70	127	155	317	495	542	642	531	329	256	116	3.691
Influenza B	4	6	12	18	30	56	76	125	186	259	441	495	456	495	381	3.040
TOTALE POSITIVI	24	31	53	77	129	243	347	699	1.051	1.218	1.614	1.578	1.225	1.181	846	10.316*

*Su un totale di 40.380 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	06	07	08	TOT
SARS-CoV-2	53	65	68	98	90	77	69	93	104	95	85	63	56	42	24	1.082
Adenovirus	61	55	67	90	86	102	77	72	61	69	62	61	62	63	64	1.052
Bocavirus	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	23	30	19	36	20	249
Coronavirus (no SARS-CoV-2)	23	32	45	75	76	87	82	105	113	137	132	116	106	113	101	1.343
Metapneumovirus	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	74	81	84	87	111	638
Rhinovirus	247	267	312	338	280	287	185	207	218	237	218	214	215	231	223	3.679
VRS	18	29	64	85	139	149	205	207	233	256	403	403	436	424	343	3.394
Virus Parainfluenzali	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	19	11	14	10	18	417
TOTALE POSITIVI	449	508	621	756	723	779	667	760	800	894	1.016	979	992	1.006	904	11.854

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 08^a settimana del 2025

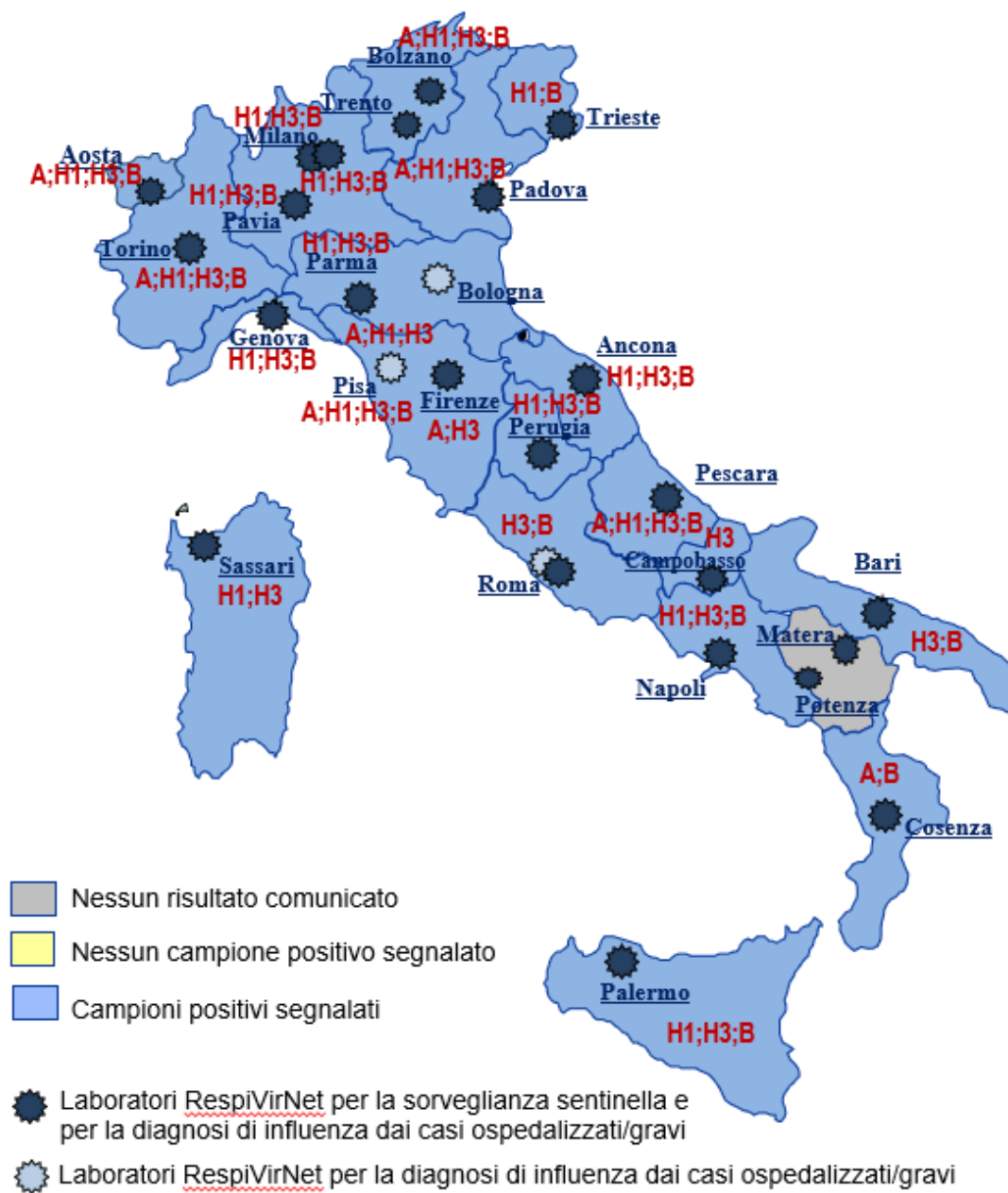


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

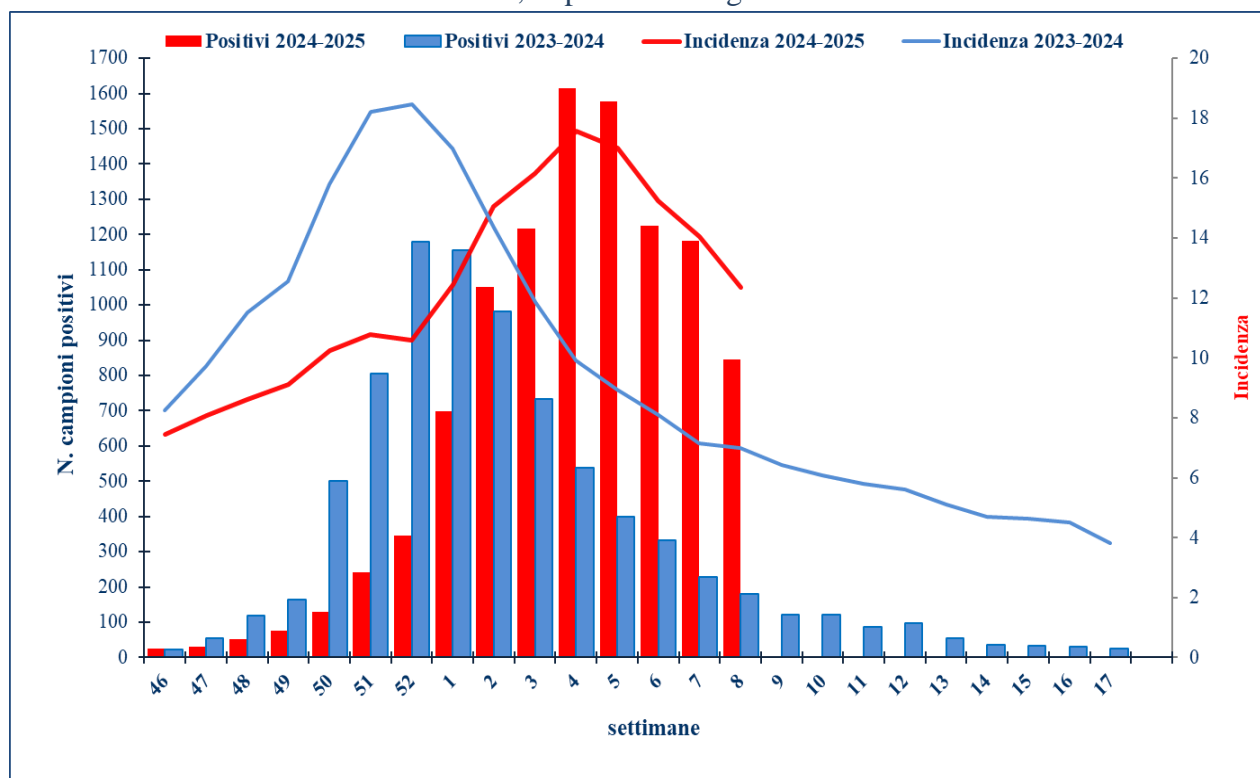


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

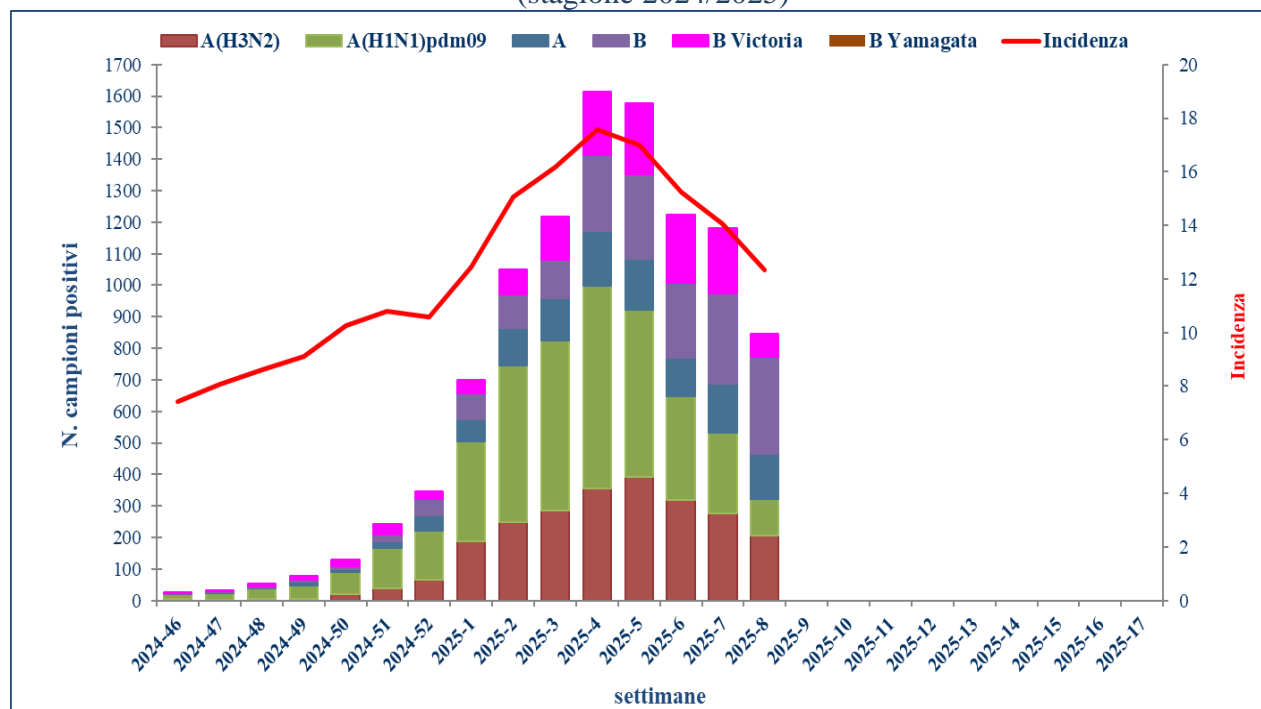


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

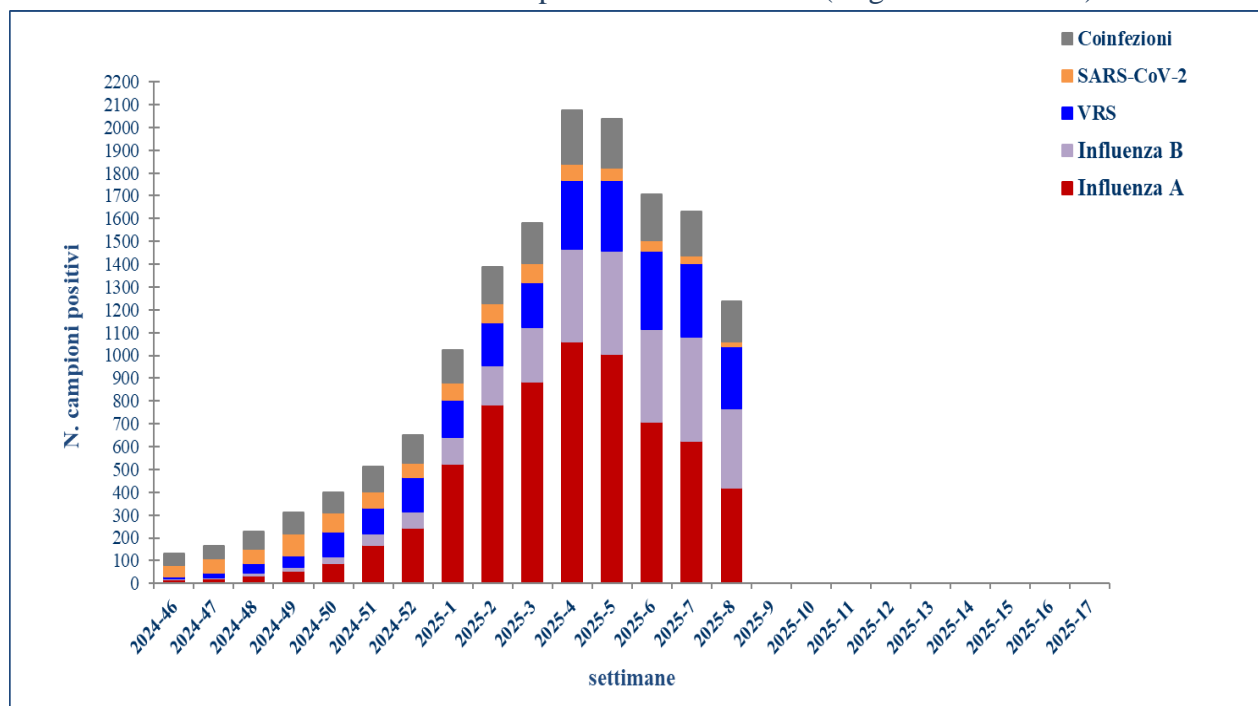


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

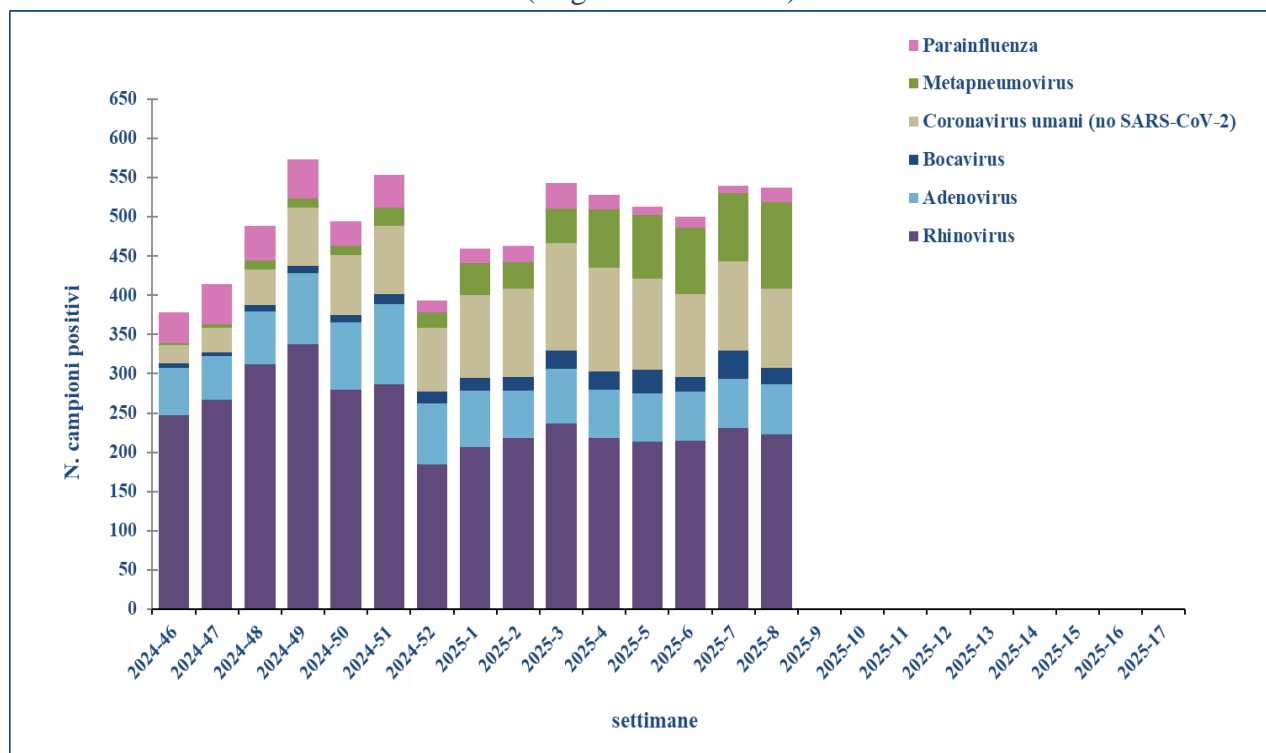
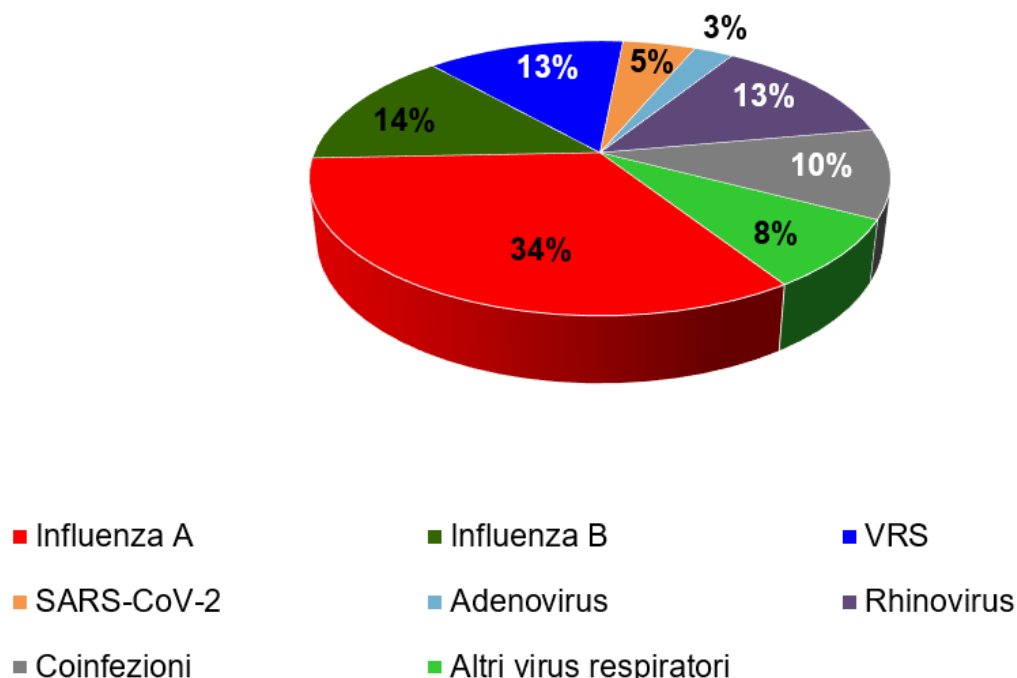
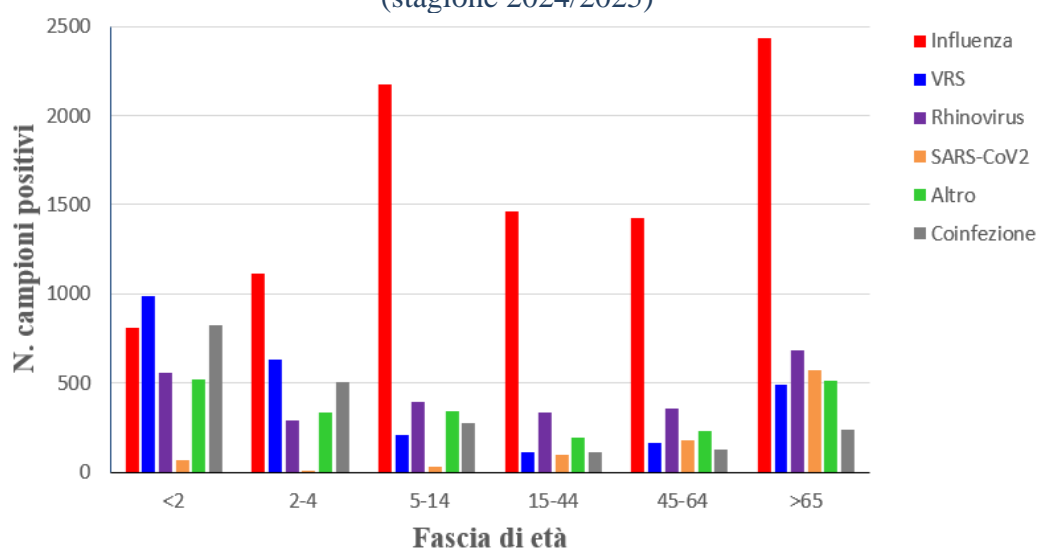


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-08/2025)



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)



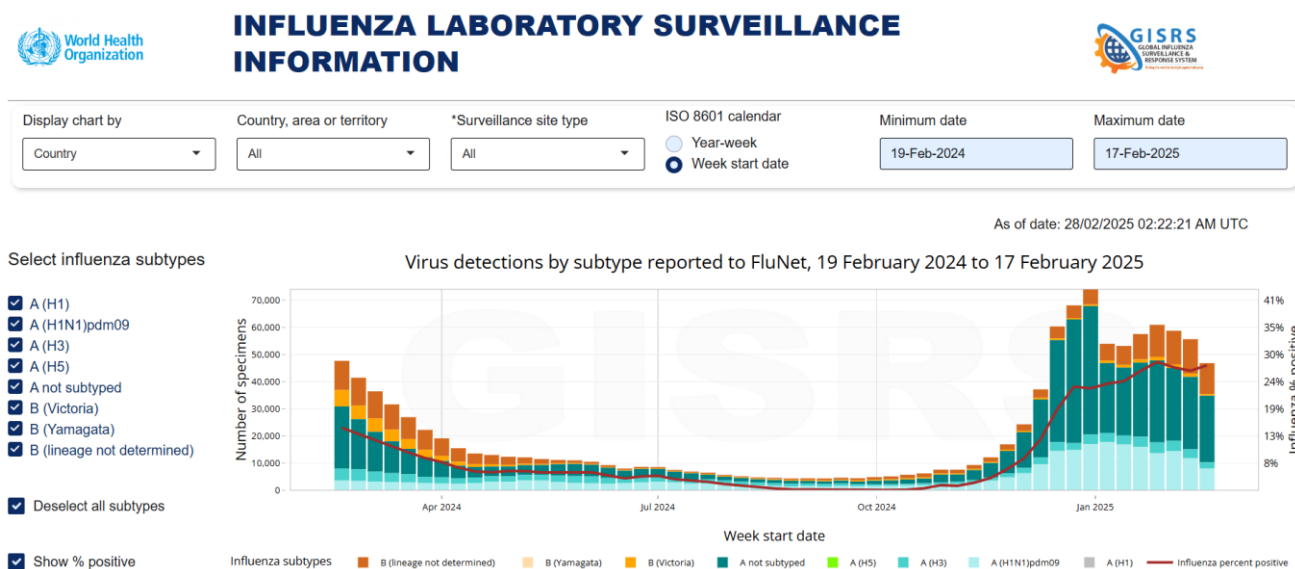
Altro: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali;
le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nell'emisfero Nord, la circolazione dei virus influenzali rimane sostenuta in diversi paesi, in particolare in nord America (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09), in America centrale (prevalentemente associata a virus A/H3N2), in sud America (associata a virus B), in nord Africa (associata a virus A/H3N2), in Africa orientale, occidentale e in Europa (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi) e in Asia (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali risulta elevata soprattutto in alcuni paesi dell'Africa orientale e del Sud-est Asiatico (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi) e Oceania (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09).

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 7^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. Durante la settimana 07/2025, 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 **3.519** 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 2.486 campioni risultati positivi al virus influenzale, 2.383 (95,9%) appartenevano al tipo A: tra i 1.788 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 1.115 (62,4%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 673 (37,6%) al sottotipo H3N2. I restanti 103 (4,1%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 9 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 7	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	3,519	82,545
No. of positive specimens	2,486	53,734
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	2,383 (95.9%)	52,323 (97.4%)
Subtyping Performed	1,788 (75.0%)	44,963 (85.9%)
(H1N1)pdm09	1,115 (62.4%)	22,262 (49.5%)
H3N2	673 (37.6%)	22,622 (50.3%)
H3N2v [†]	0	0
H5*	0	79 (0.2%)
Subtyping not performed	595 (25.0%)	7,360 (14.1%)
Influenza B	103 (4.1%)	1,411 (2.6%)
Lineage testing performed	9 (8.7%)	620 (43.9%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	9 (100%)	620 (100%)
Lineage not performed	94 (91.3%)	791 (56.1%)

*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 dei 2.008 ceppi virali, raccolti a partire dal 29 settembre 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 437/745 (58,7%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a, gli altri 308 (41,3%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1. Centotrentadue 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.
- 1.093/1.098 (99,5%) 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 169 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 86 (50,9%) 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.
- 165 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, 51 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 7^a settimana del 2025 si continua a registrare una sostenuta circolazione di virus respiratori. La circolazione dei **virus influenzali** si mantiene elevata, con co-circolazione di virus A(H1)pdm09, A(H3) e B/Victoria. Le ospedalizzazioni dovute al virus influenzale riguardano soprattutto le persone di età pari o superiore a 65 anni, 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 una circolazione stabile o in aumento. Il maggior rischio di ospedalizzazione si registra tra i bambini di età <5 anni.

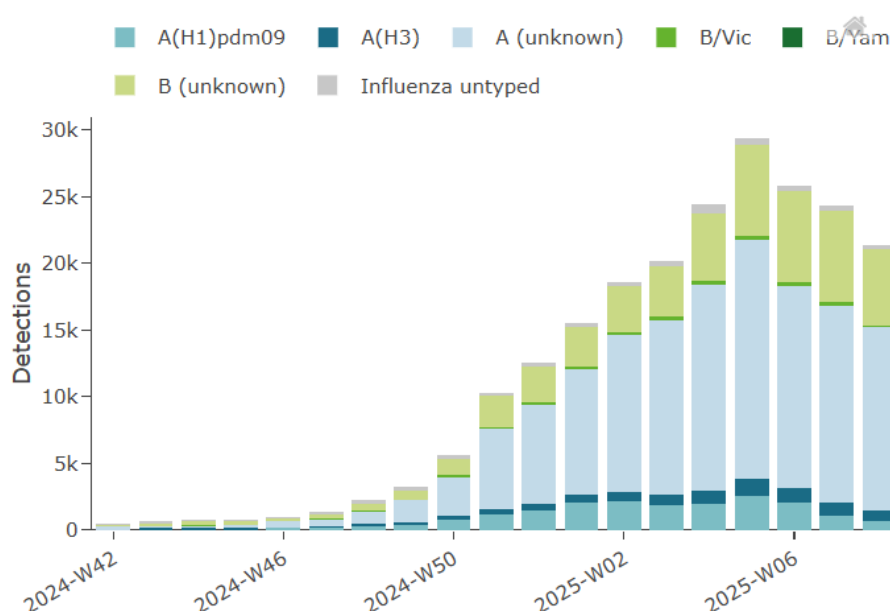
La circolazione del **SARS-CoV-2** risulta attualmente bassa.

Nella 7^a settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **21.119** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

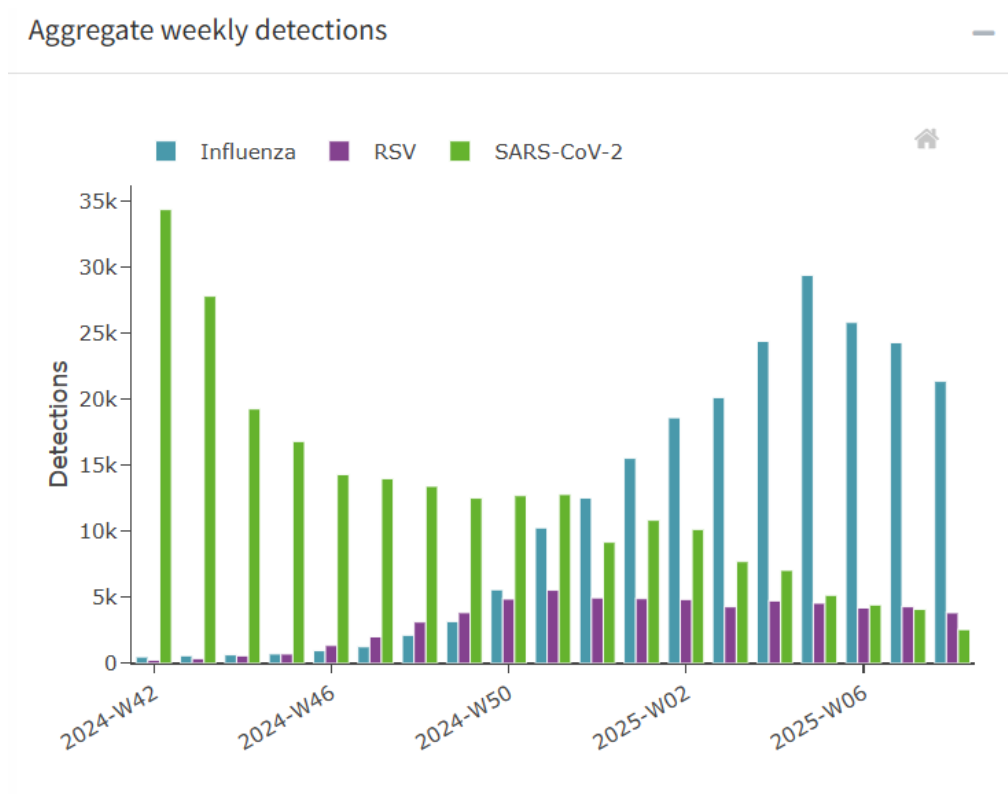
- 15.241 (72%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 1.475 virus sottotipizzati, 814 (55%) sono risultati A(H3) e 661 (45%) A(H1)pdm09.
- 5.878 (28%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 110 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

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



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 3.906 ceppi di virus influenzale:

- 1.691/1.911 (88,5%) 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, 163 (8,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 57 (3%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021.
- 651/921 (71%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 123 (13%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023, 113 (12%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024 e 10 (1%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 723/1.074 (67%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 165 (15%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023, 150 (14%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024 e 22 (2%) al *clade* V1A.3a.2 (C) rappresentato dal ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021.

Il 28 febbraio 2025 sono state emanate le raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2025/2026 (emisfero Nord), secondo le quali si prevede l'inclusione dei seguenti ceppi nei **vaccini trivalenti**:

Vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo:

- **A/Victoria/4897/2022 (H1N1)**pdm09-like virus
- **A/Croatia/10136RV/2023 (H3N2)**-like virus
- **B/Austria/1359417/2021** virus (lineaggio **B/Victoria**)

Vaccini ottenuti su colture cellulari o vaccini ricombinanti:

- **A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)**pdm09-like virus
- **A/District of Columbia/27/2023 (H3N2)**-like virus
- **B/Austria/1359417/2021** virus (lineaggio **B/Victoria**)

Nel caso dei **vaccini quadrivalenti**, l'OMS raccomanda l'inserimento del ceppo B/Phuket/3073/2013-like (lineaggio B/Yamagata), in aggiunta ai ceppi sopramenzionati.

Il nuovo vaccino conterrà, dunque, **nuove varianti antigeniche di tipo A**, sottotipo **H3N2**, (**A/Croatia/10136RV/2023** e **A/District of Columbia/27/2023**), che sostituiranno i ceppi A/Thailand/8/2022 e A/Massachusetts/18/2022, rispettivamente nei vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo ed in quelli ottenuti su colture cellulari.

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.