



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana 2025 – 11
dal 10 al 16 marzo 2025

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 11/2025 (10 - 16 marzo 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 11/2025, continua a diminuire la percentuale dei **campioni risultati positivi per influenza (18,9%)**, rispetto alla settimana precedente (25,2%).
- Tra i 2.536 campioni ricevuti dai laboratori della rete RespiVirNet, **480** sono risultati positivi per **influenza**, di cui 247 di tipo **A** (140 di sottotipo H3N2, 51 H1N1pdm09 e 56 non ancora sottotipizzati) e 233 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati nella decima settimana, **193 (7,6%)** sono risultati positivi per **VRS**, **27 (1%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 518 sono risultati positivi per altri virus respiratori (**213 (8,4%) Rhinovirus**, 165 Metapneumovirus, 65 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 44 Adenovirus, 21 Bocavirus e 10 virus Parainfluenzali).
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (8,2 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/11*), tra cui in particolare **virus influenzali, Rhinovirus e VRS**.
- 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 11/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.536** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **480 (18,9%)** sono risultati positivi per **influenza**, 247 di tipo **A** (140 di sottotipo **H3N2**, 51 **H1N1pdm09** e 56 non ancora sottotipizzati) e 233 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 8.472 ceppi di tipo **A** (67,5%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 4.077 di tipo **B** (32,5%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 213 (8,4%) sono risultati positivi per **Rhinovirus**, 193 (7,6%) per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 165 (6,5%) per **Metapneumovirus**, 65 per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 44 per **Adenovirus**, 27 (1%) per **SARS-CoV-2**, 21 per **Bocavirus**, e 10 per **virus Parainfluenzali** (Tabella 2b).

Durante la settimana 11/2025, sono state inoltre segnalate 8 diagnosi di **Mycoplasma pneumoniae**, 3 delle quali dal laboratorio di Pescara, 2 da Bolzano, una da Milano, una da Padova e una da Torino.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nell'undicesima settimana (8,2 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/11*), tra cui in particolare virus influenzali, Rhinovirus e VRS (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 11^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
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	09	10	11	TOT
Influenza A	20	25	41	59	99	187	271	574	865	959	1.177	1.085	771	696	533	497	366	247	8.472
A	1	1	2	11	10	21	49	68	119	130	169	158	117	109	78	90	52	56	1.241
A(H3N2)	5	2	6	6	19	39	67	189	250	284	356	391	321	293	289	270	214	140	3.141
A(H1N1)	14	22	33	42	70	127	155	317	496	545	652	536	333	294	166	137	100	51	4.090
Influenza B	4	6	12	18	30	56	76	125	186	259	441	495	457	507	441	428	303	233	4.077
TOT. POSITIVI	24	31	53	77	129	243	347	699	1.051	1.218	1.618	1.580	1.228	1.203	974	925	669	480	12.549*

*Su un totale di 49.048 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. A(H1N1): A(H1N1)pdm09

b) Identificazioni di **altri virus respiratori** in Italia (a partire dalla settimana 46/2024)

Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2; Para: virus Parainfluenzali

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	TOT
S-CoV-2	53	65	68	98	90	77	69	93	104	95	85	63	56	42	29	35	25	27	1.174
Adeno	61	55	67	90	86	102	77	72	61	69	62	61	62	64	76	66	67	44	1.242
Boca	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	23	30	19	36	21	28	28	21	327
Corona	23	32	45	75	76	87	82	105	113	137	132	116	106	113	110	85	51	65	1.553
Meta	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	74	81	84	89	129	127	149	165	1.099
Rhino	247	267	312	338	280	287	185	207	218	237	218	214	217	237	247	237	239	213	4.400
VRS	18	29	64	85	139	149	205	207	233	256	403	403	439	432	405	312	250	193	4.222
Para	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	19	11	14	10	19	15	10	10	453
TOT. POSITIVI	449	508	621	756	723	779	667	760	800	894	1.016	979	997	1.023	1.036	905	819	738	14.470

S-CoV-2: SARS-CoV-2; Adeno: Adenovirus; Boca: Bocavirus; Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2;

Meta: Metapneumovirus; Rhino: Rhinovirus; Para: virus Parainfluenzali

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 11^a settimana del 2025

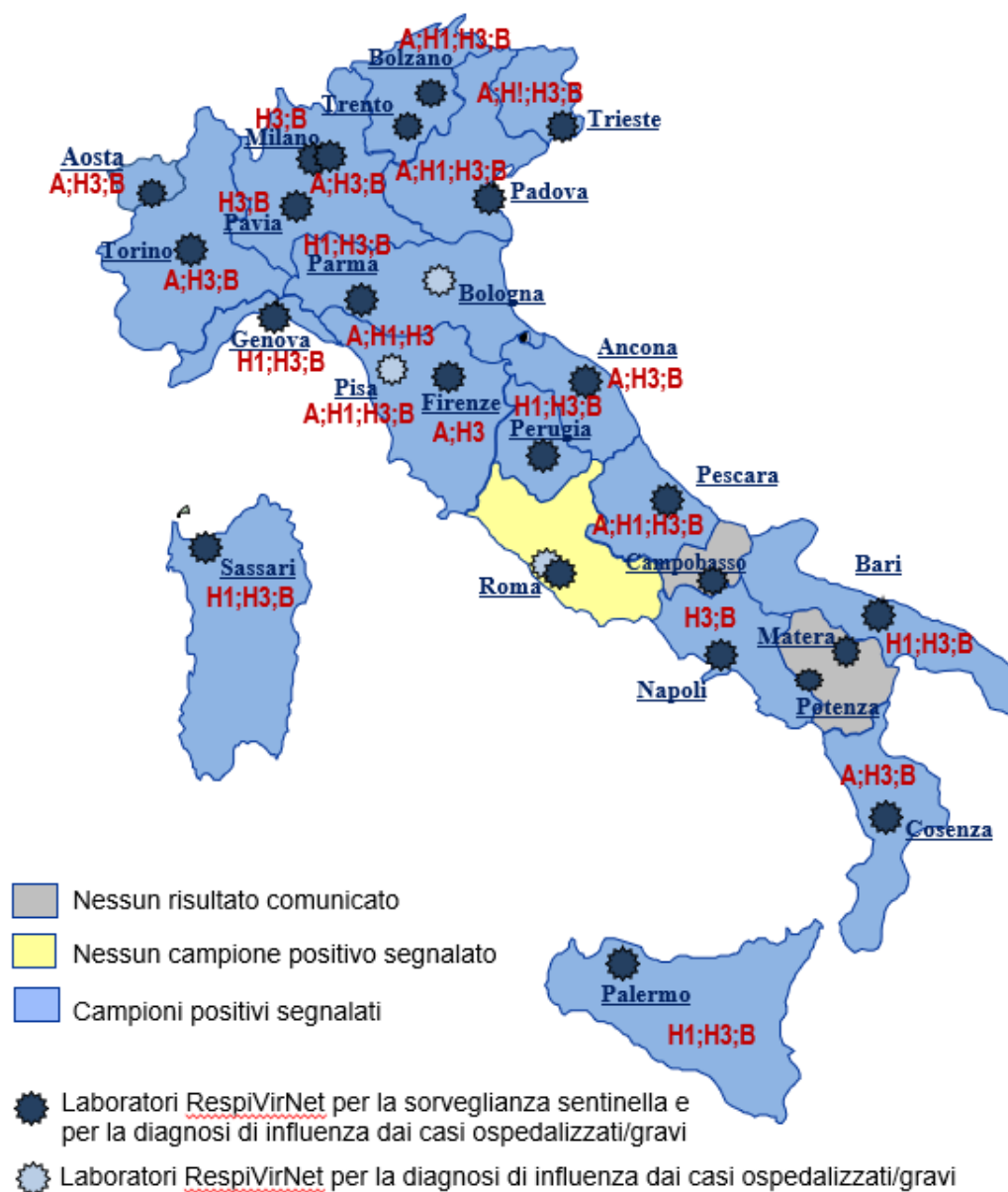


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

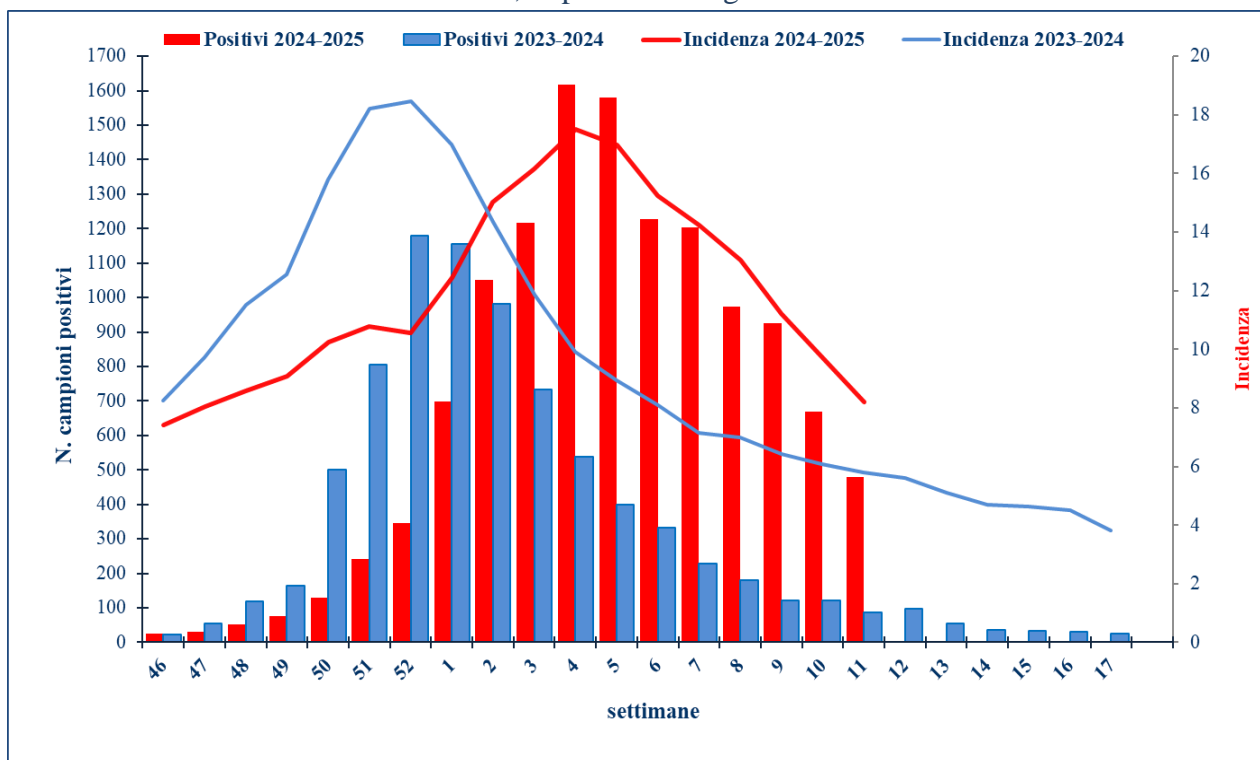


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

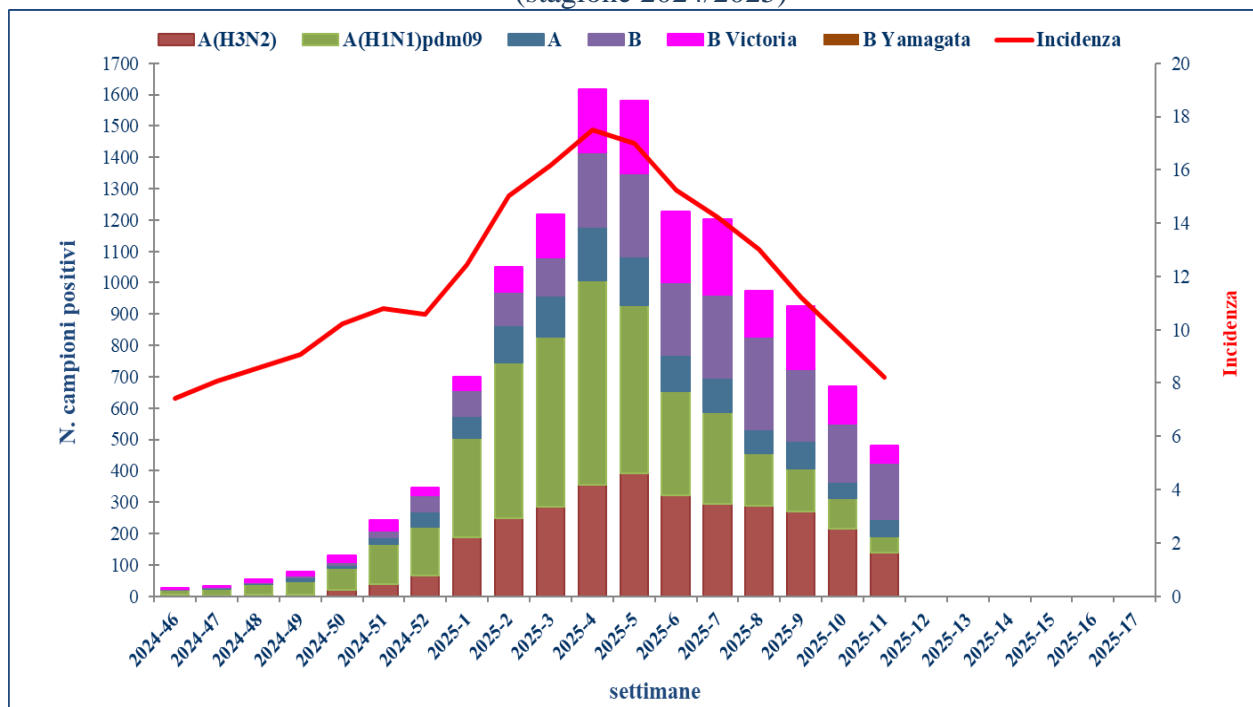


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

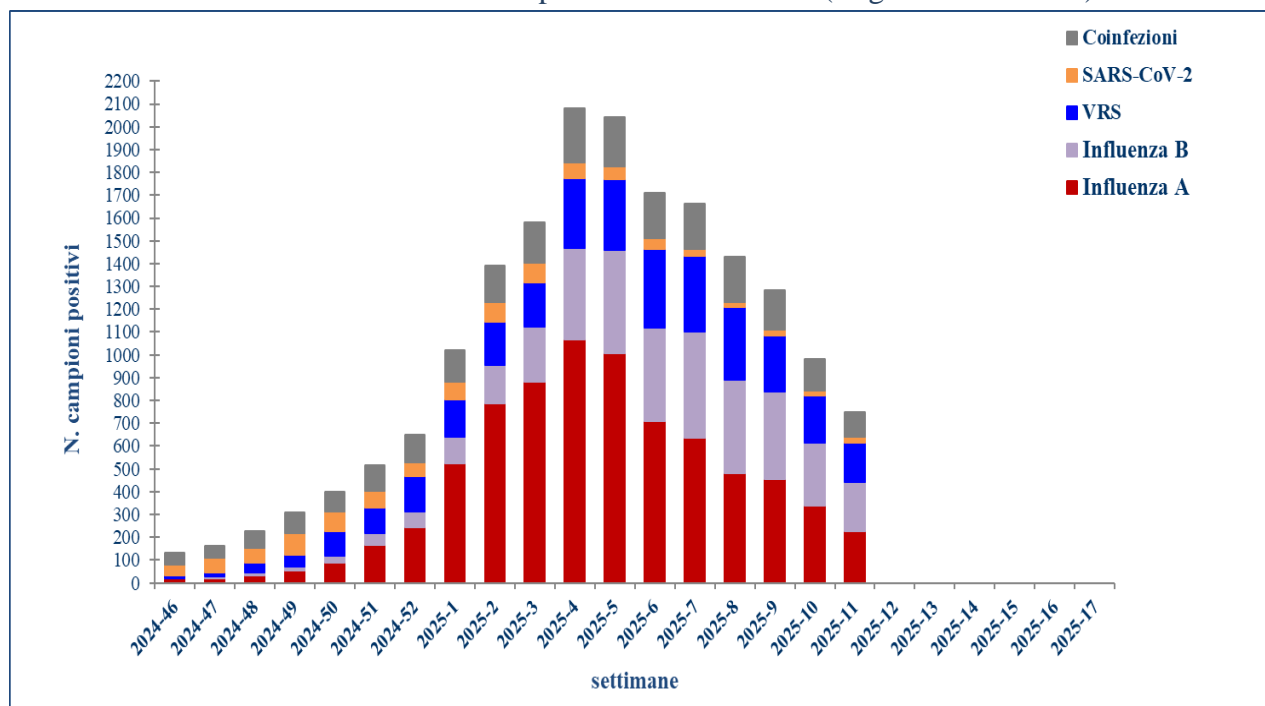


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

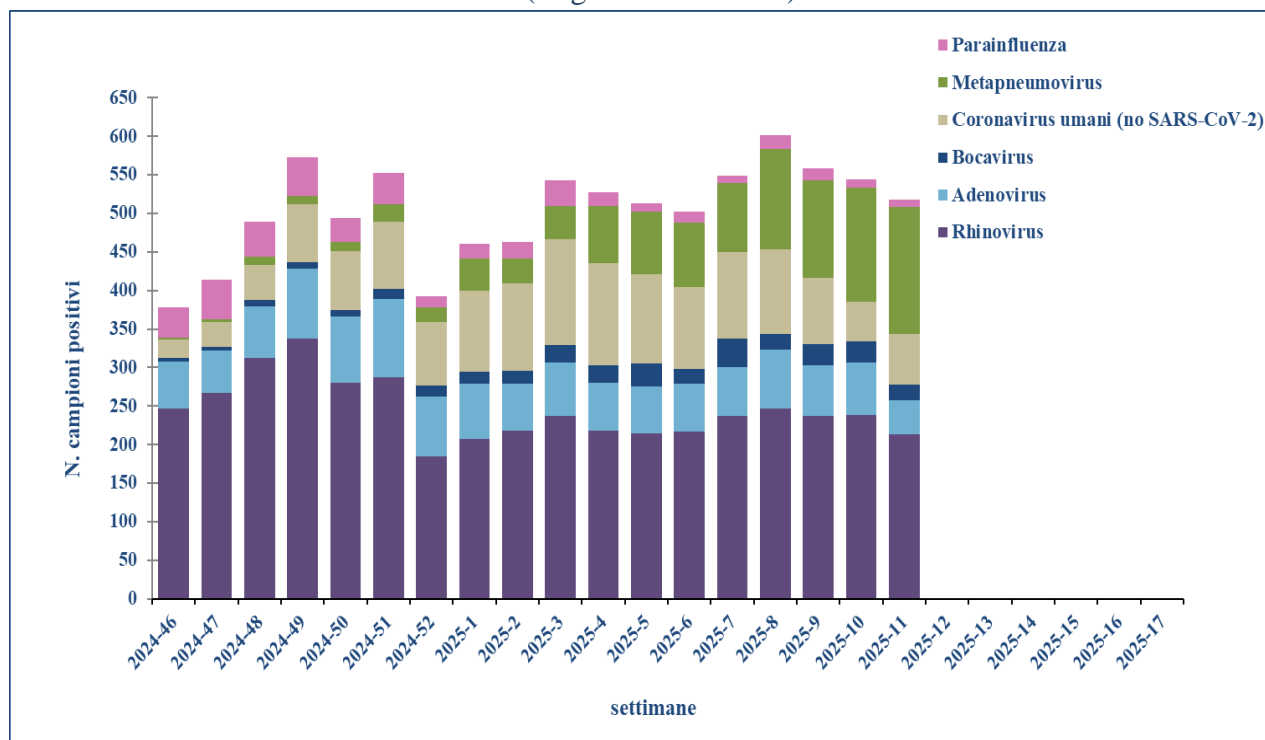
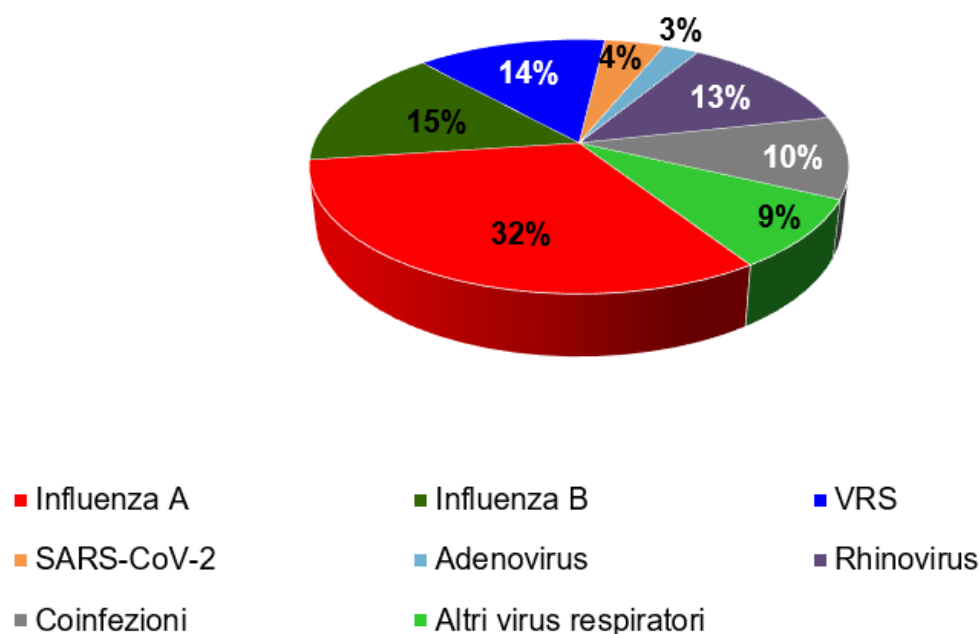
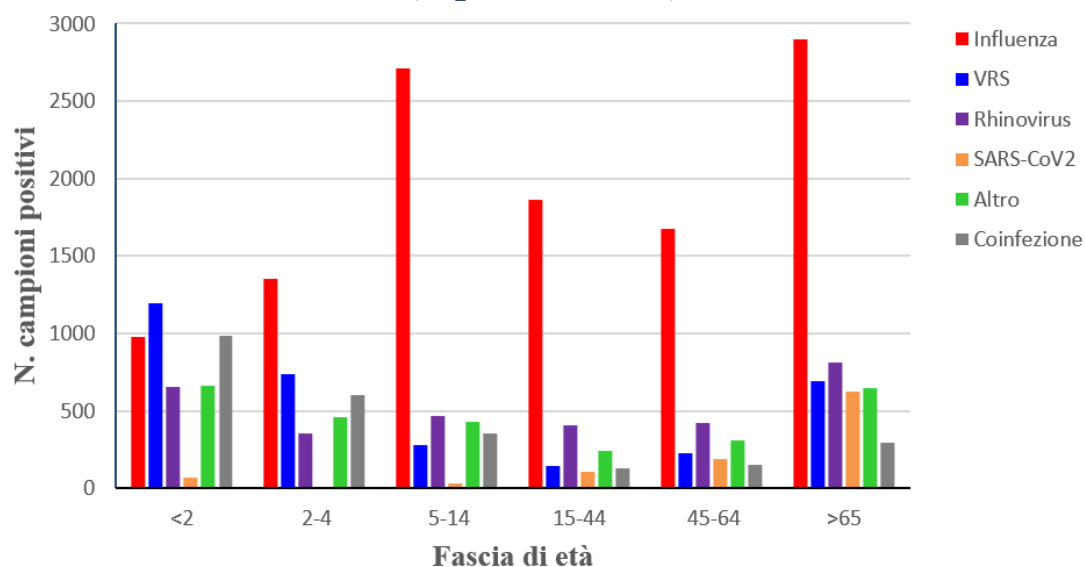


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-11/2025)



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)



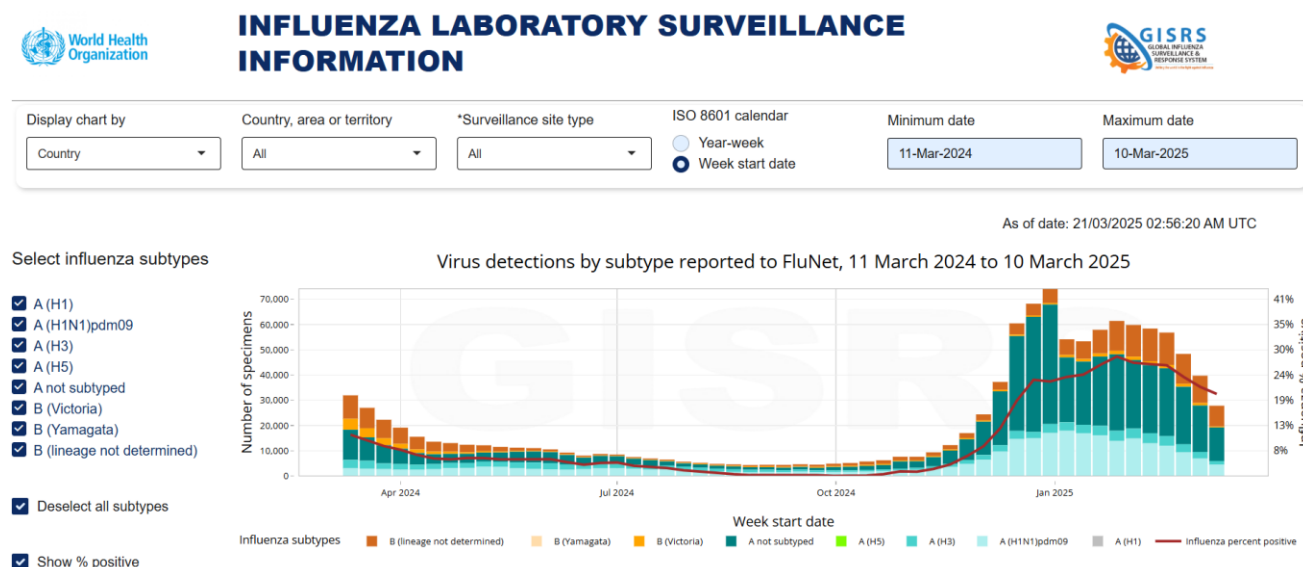
Altro: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali;
le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nell'emisfero Nord, la circolazione dei virus respiratori si mantiene stabile o risulta in diminuzione in diversi paesi. Risulta ancora elevata in particolare in America settentrionale e centrale (cocircolazione di virus A/H3N2 e A/H1N1pdm09), in sud America (prevalentemente associata a virus A/H3N2), in nord Africa (prevalentemente associata a virus A/H3N2) e in Africa occidentale (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09), in Europa (associata a entrambi i virus A e B), in Asia centrale (associata ai virus B), in Asia occidentale e meridionale (prevalentemente associata a virus A/H3N2), nel Sud-est Asiatico e in Asia orientale (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali risulta bassa ad eccezione di alcuni paesi dell'Africa orientale e del Sud-est Asiatico.

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 10^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 sostenuta, sebbene nelle ultime 4 settimane si sia registrato un graduale e continuo decremento. Durante la settimana 10/2025, 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 **3.264** 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 2.363 campioni risultati positivi al virus influenzale, 2.234 (94,5%) appartenevano al tipo A: tra i 1.844 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 1.062 (57,6%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 782 (42,4%) al sottotipo H3N2. I restanti 129 (5,5%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 50 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 10	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	3,264	107,113
No. of positive specimens	2,363	72,437
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	2,234 (94.5%)	70,325 (97.1%)
Subtyping Performed	1,844 (82.5%)	61,405 (87.3%)
(H1N1)pdm09	1,062 (57.6%)	31,638 (51.5%)
H3N2	782 (42.4%)	29,687 (48.3%)
H3N2v [†]	0	0
H5*	0	80 (0.1%)
Subtyping not performed	390 (17.5%)	8,920 (12.7%)
Influenza B	129 (5.5%)	2,112 (2.9%)
Lineage testing performed	50 (38.8%)	936 (44.3%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	50 (100.0%)	936 (100.0%)
Lineage not performed	79 (61.2%)	1,176 (55.7%)

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

- 535/981 (54,5%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a, gli altri 446 (45,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1. Centonovantasette ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 196 (99,5%) di questi 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.
- 1.421/1.426 (99,6%) 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 241 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 139 (57,7%) 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.
- 220 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, 75 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 10^a settimana del 2025 si continua a registrare una sostenuta circolazione di virus respiratori, sebbene in graduale diminuzione.

La circolazione dei **virus influenzali** si mantiene elevata in diversi paesi membri, con co-circolazione di virus A(H1)pdm09, A(H3) e B/Victoria. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella decima settimana di sorveglianza del 2025, è stata segnalata una positività del 35% al virus influenzale, in leggero calo rispetto alla settimana precedente (37%) ma ancora al di sopra della soglia epidemica del 10%.

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.

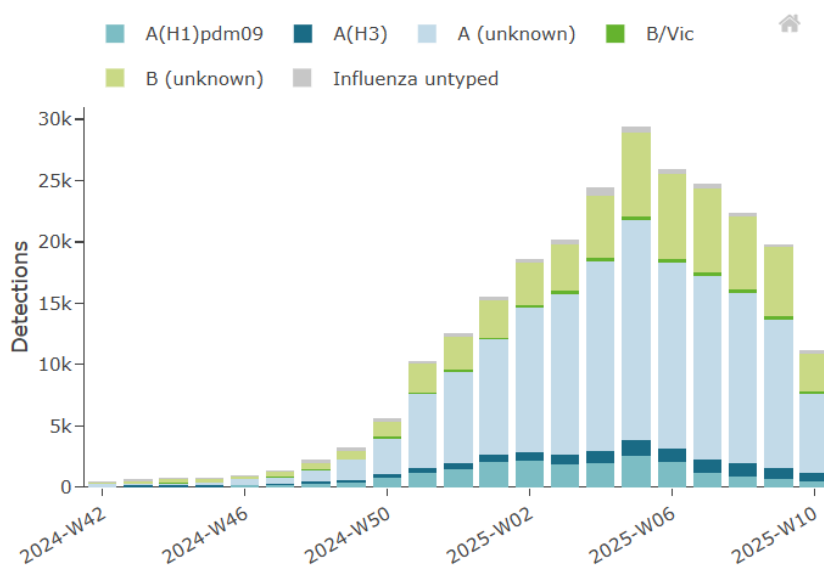
La circolazione del **SARS-CoV-2** risulta attualmente bassa.

Nella 10^a settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **10.984** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

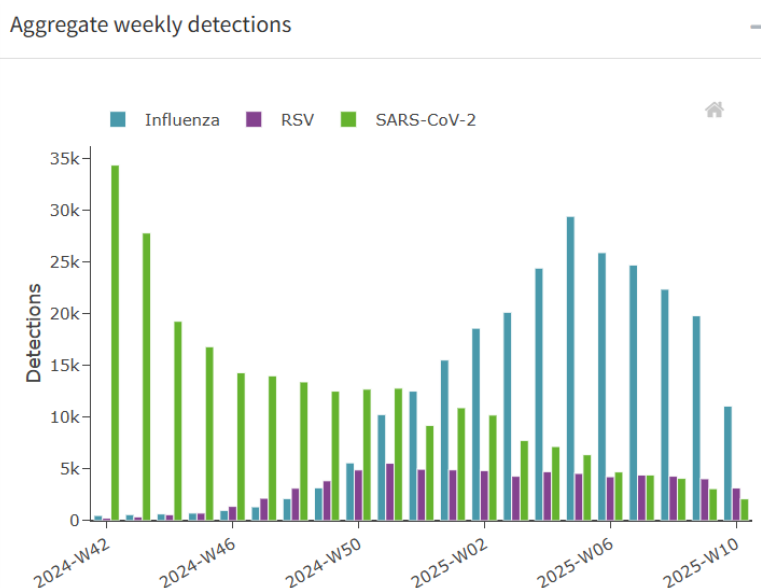
- 7.644 (69,6%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 1.168 virus sottotipizzati, 700 (60%) sono risultati A(H3) e 468 (40%) A(H1)pdm09.
- 3.340 (30,4%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 137 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

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 4.890 ceppi di virus influenzale:

- 1.986/2.234 (88,9%) 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, 191 (8,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 57 (2,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021.
- 937/1.280 (73,2%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 174 (13,6%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023, 131 (10,2%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024 e 10 (0,8%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 944/1.376 (68,6%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 206 (15%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023, 190 (14%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024 e 22 (1,6%) 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.