



Rapporto Virologico

RespiVirNet

Stagione influenzale 2024-2025

Settimana **2025 – 16**
dal **14** al **20** aprile 2025

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 16/2025 (14 - 20 aprile 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 16/2025, continua a diminuire la percentuale dei **campioni risultati positivi per influenza (5,7%)**, rispetto alla settimana precedente (6,9%).
- Tra i 1.095 campioni ricevuti dai laboratori della rete RespiVirNet, **63** sono risultati positivi per **influenza**, di cui 42 di tipo **A** (26 di sottotipo H3N2, 8 H1N1pdm09 e 8 non ancora sottotipizzati) e 21 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati nella sedicesima settimana, **43 (3,9%)** sono risultati positivi per **VRS**, **11 (1%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 314 sono risultati positivi per altri virus respiratori (**150 (13,7%) Rhinovirus**, **76 (6,9%) Metapneumovirus**, 32 Adenovirus, 25 virus Parainfluenzali, 23 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e 8 Bocavirus).
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (4,9 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/16*), tra cui in particolare **Rhinovirus**, **Metapneumovirus** e **virus influenzali**.
- 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 16/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **1.095** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **63 (5,7%)** sono risultati positivi per **influenza**, 42 di tipo **A** (26 di sottotipo **H3N2**, 8 **H1N1pdm09** e 8 non ancora sottotipizzati) e 21 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 9.127 ceppi di tipo A (66,7%) e 4.559 di tipo B (33,3%) (Tabella 2a). Tra i virus di tipo A, i sottotipi H1N1pdm09 e H3N2 hanno circolato in proporzioni simili, rappresentando rispettivamente il 54% e il 46% dei ceppi A sottotipizzati.

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 150 (13,7%) sono risultati positivi per **Rhinovirus**, 76 (6,9%) per **Metapneumovirus**, 43 (3,9%) per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 32 per **Adenovirus**, 25 per **virus Parainfluenzali**, 23 per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 11 (1%) per **SARS-CoV-2** e 8 per **Bocavirus** (Tabella 2b).

Durante la settimana 16/2025, è stata inoltre segnalata una diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, in particolare 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 sedicesima settimana (4,9 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/16*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus 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 nella 16^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
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
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	12	13	14	15	16	TOT
Flu A	20	25	41	59	99	187	272	575	868	965	1.181	1.087	772	698	542	501	373	283	218	135	111	73	42	9.127
A	1	1	2	11	10	20	48	68	118	130	169	158	117	104	78	88	48	26	25	19	12	7	8	1.268
A(H3N2)	5	2	6	6	19	40	67	190	250	288	358	391	322	295	292	273	222	190	156	87	80	52	26	3.617
A(H1N1)	14	22	33	42	70	127	157	317	500	547	654	538	333	299	172	140	103	67	37	29	19	14	8	4.242
Flu B	4	6	12	18	30	56	76	125	186	259	441	495	458	507	442	431	306	281	165	93	99	48	21	4.559
TOT. POS.	24	31	53	77	129	243	348	700	1.054	1.224	1.622	1.582	1.230	1.205	984	932	679	564	383	228	210	121	63	13.686*

*Su un totale di 58.445 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. Flu: Influenza; A(H1N1): A(H1N1)pdm09

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	09	10	11	12	13	14	15	16	TOT
SCoV2	53	65	68	98	90	77	69	93	104	95	85	64	56	42	29	35	25	29	21	22	14	18	11	1.263
Adeno	61	55	67	90	86	102	77	72	61	69	62	61	62	64	76	67	68	60	61	68	49	52	32	1.522
Boca	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	23	31	20	36	21	28	28	22	18	19	17	9	8	401
Corona	23	32	45	75	76	87	82	105	114	137	132	116	106	113	110	85	52	68	64	55	32	36	23	1.768
Meta	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	74	81	84	89	129	127	153	188	149	157	168	150	76	1.826
Rhino	247	267	312	338	281	287	185	207	219	237	218	215	218	237	247	237	241	231	226	252	294	268	150	5.614
VRS	18	29	64	85	139	149	205	207	233	256	403	403	440	432	405	314	262	209	190	146	116	67	43	4.815
Para	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	19	11	14	10	19	15	10	13	17	18	31	18	25	565
TOT. POS.	449	508	621	756	724	779	667	760	802	894	1.016	982	1.000	1.023	1.036	908	839	820	746	737	721	618	368	17.774

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

SCoV2: 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 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024

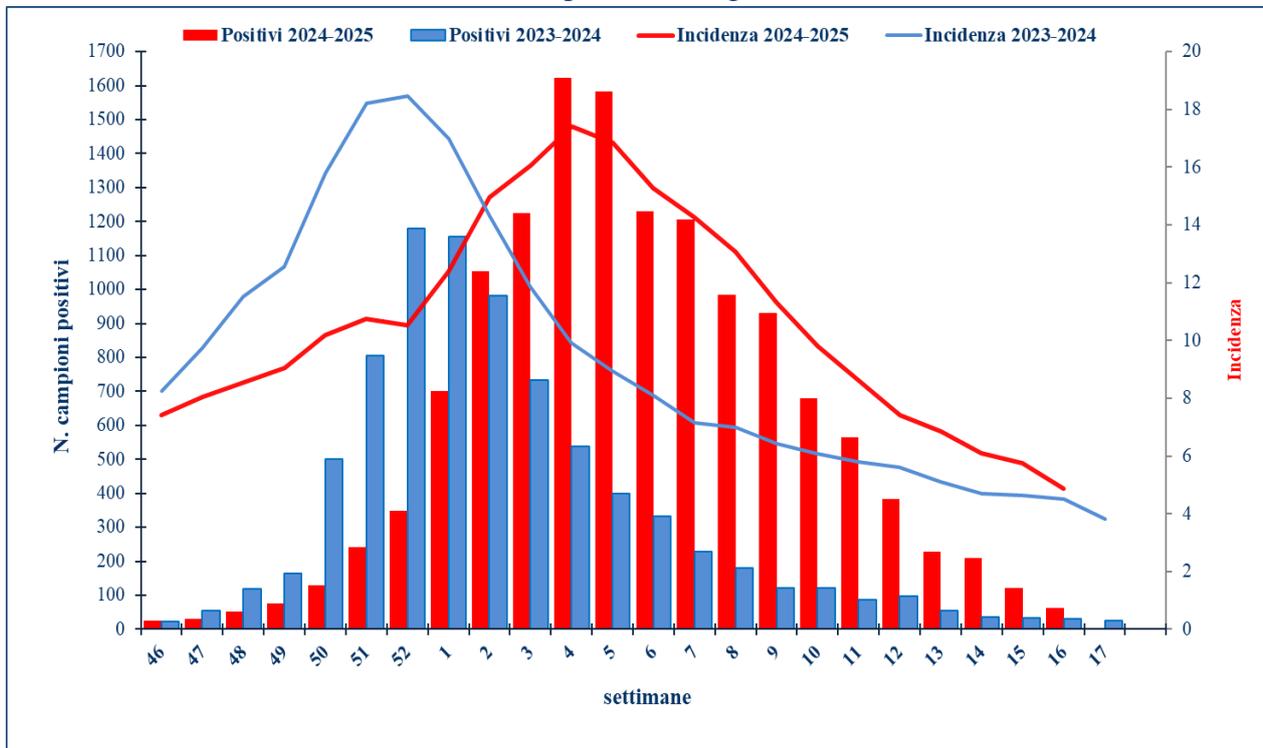


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)

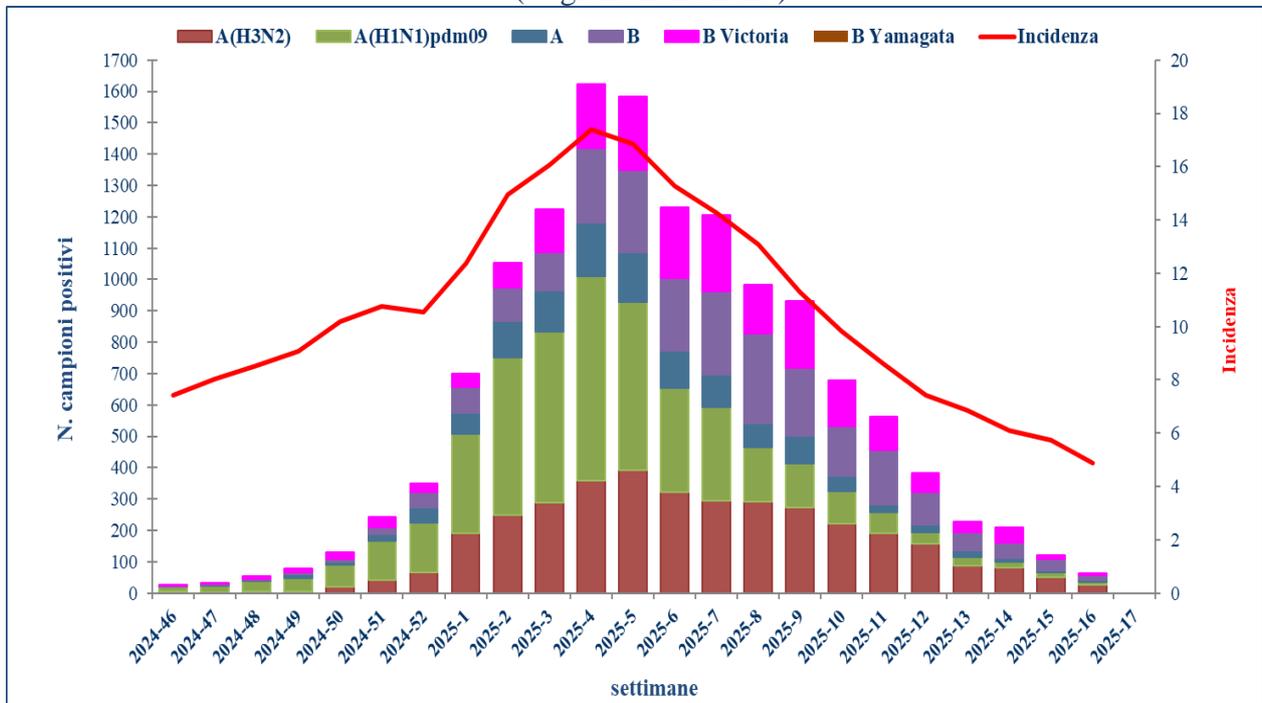


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza (A e B)**, **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

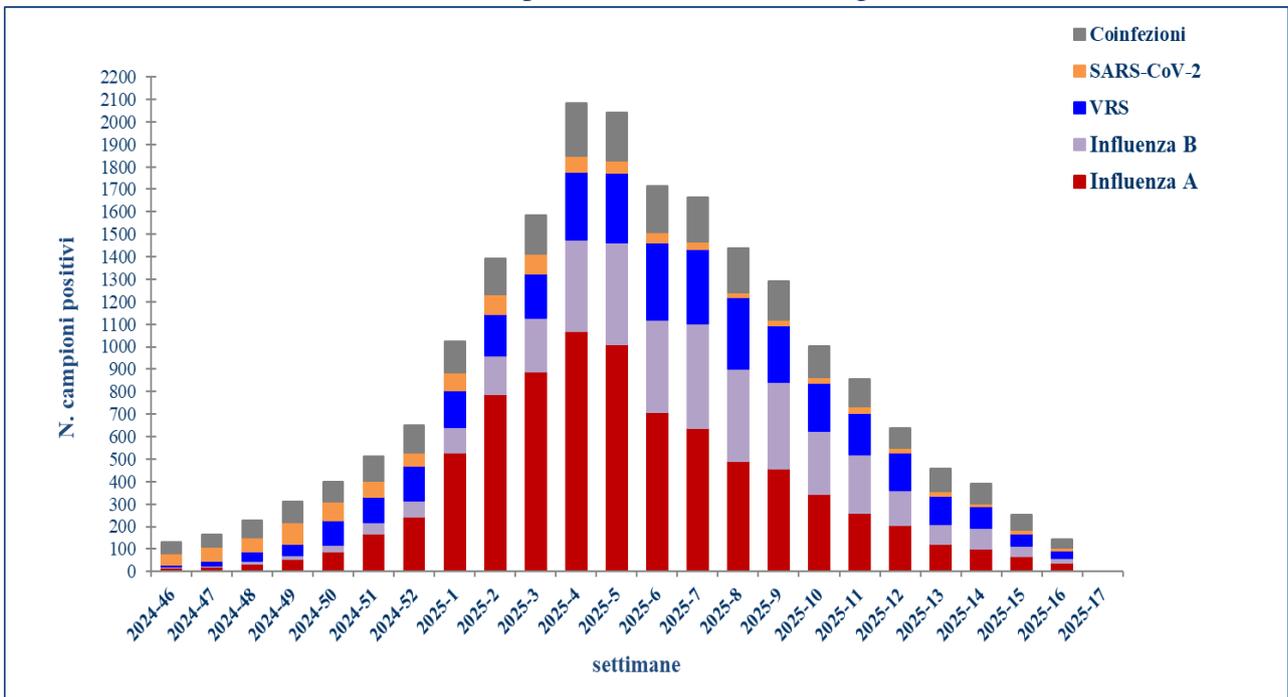


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

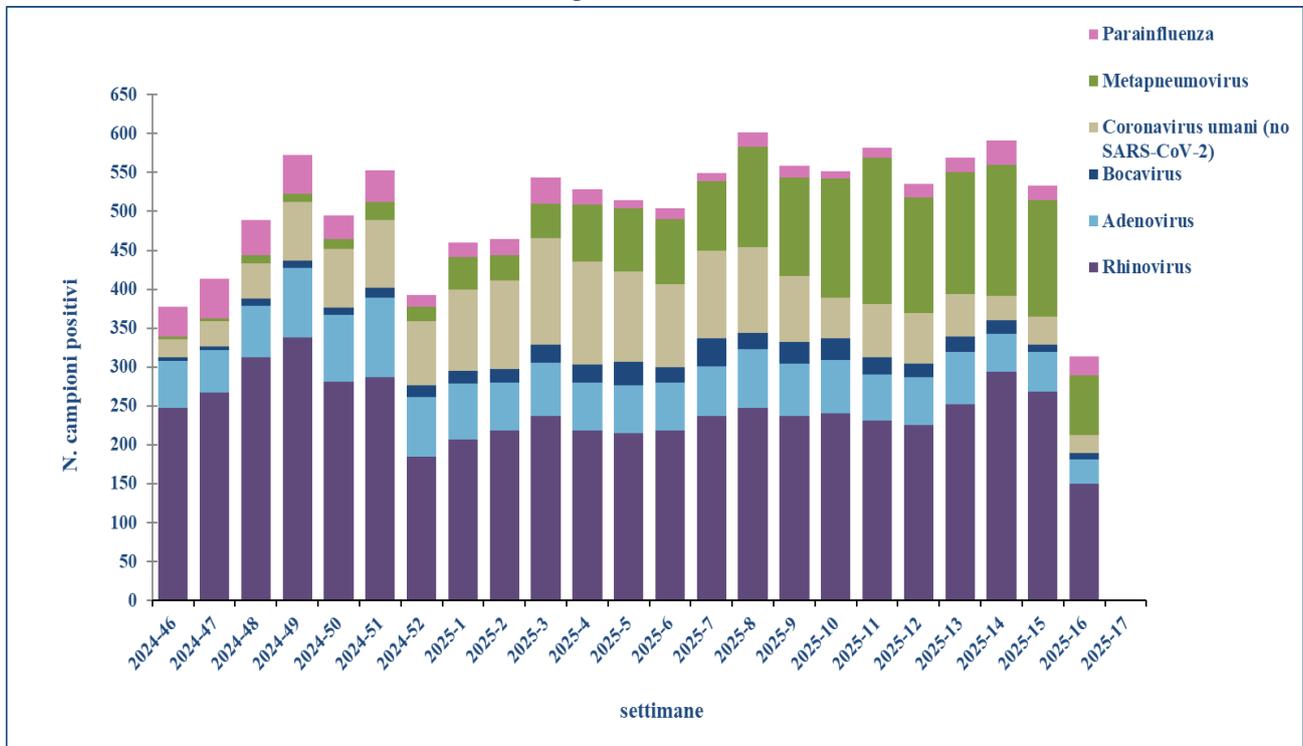
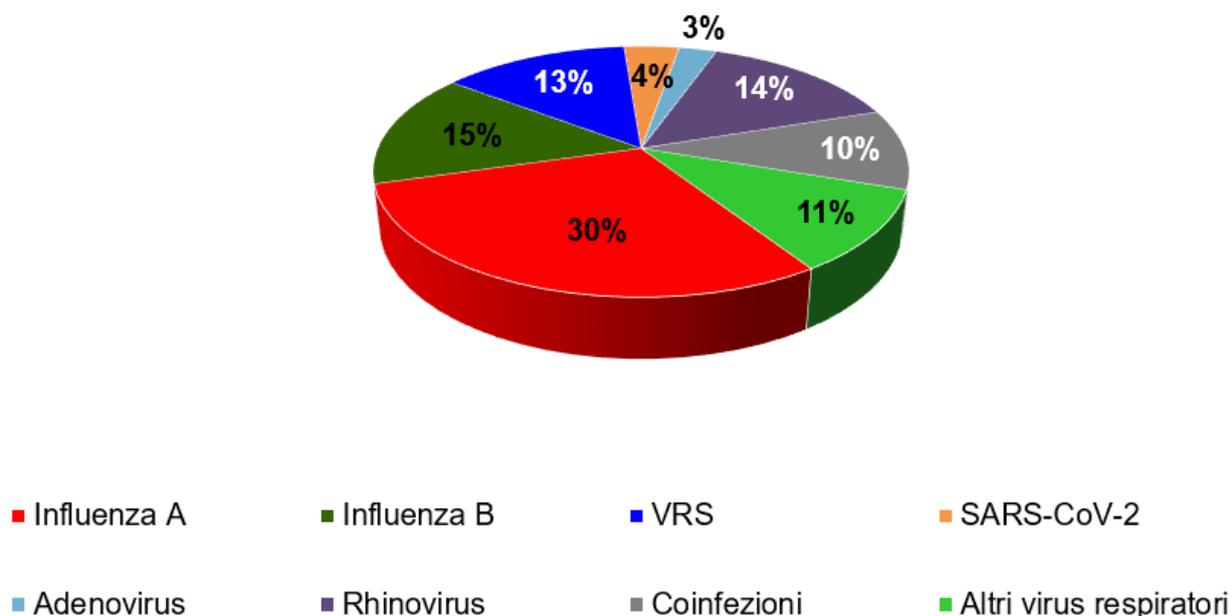
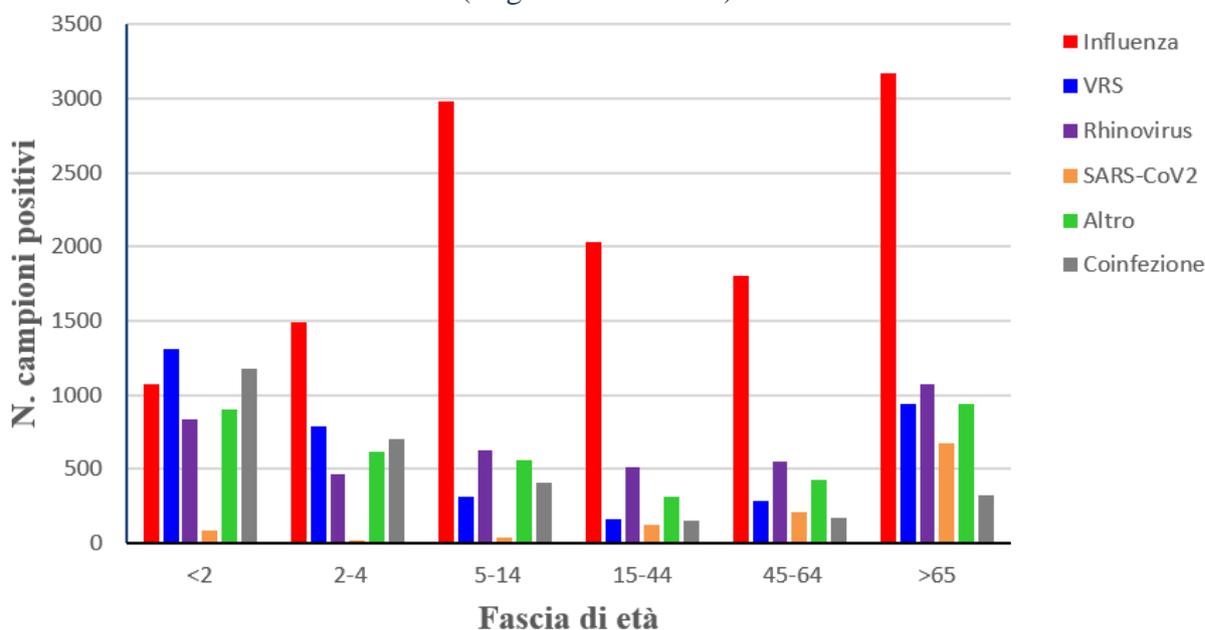


Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-16/2025)



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)



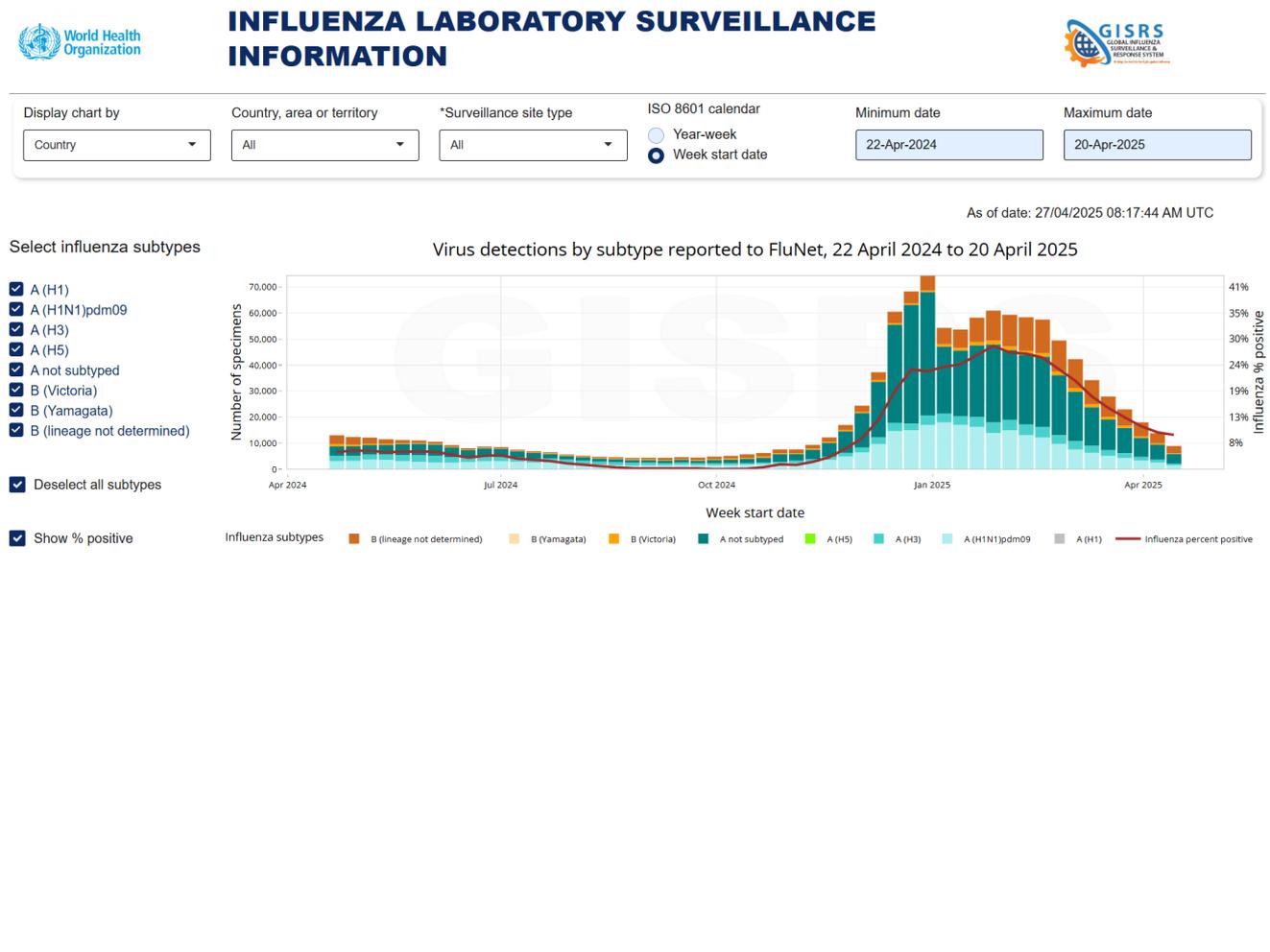
Altro: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali;
le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nell'emisfero Nord, la circolazione dei virus respiratori continua a diminuire o rimane a bassi livelli nella maggior parte dei paesi. La positività per influenza al di sopra del 10% viene segnalata in alcune parti dell'America (prevalentemente virus A/H1N1pdm09), in Africa occidentale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09), in Africa settentrionale e orientale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09 e A/H3N2), in Europa (prevalentemente virus A/H3N2 e B), in Asia occidentale (prevalentemente virus A/H3N2 e B), meridionale (prevalentemente virus A/H3N2), nel Sud-est Asiatico (prevalentemente virus A/H1N1pdm09 e B) e nell'Asia orientale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali risulta bassa ad eccezione di alcuni paesi dell'Africa meridionale e orientale e in Oceania (prevalentemente virus A/H1N1pdm09).

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 15^a settimana di sorveglianza del 2025, come riportato dal WHO ([Global Influenza Programme \(who.int\)](https://www.who.int)).



USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti si registra un ulteriore decremento nella circolazione dei virus influenzali. Durante la settimana 16/2025, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate sia a ceppi di sottotipo A(H3N2) e A(H1N1)pdm09 sia a ceppi B.

In particolare, nella sopraindicata settimana, sono stati esaminati **770** 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 337 campioni risultati positivi al virus influenzale, 210 (62,3%) appartenevano al tipo A: tra i 187 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 128 (68,4%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 59 (31,6%) al sottotipo H3N2. I restanti 127 (37,7%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 64 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 16	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	770	130,230
No. of positive specimens	337	88,118
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	210 (62.3%)	84,249 (95.6%)
Subtyping Performed	187 (89.0%)	74,557 (88.5%)
(H1N1)pdm09	128 (68.4%)	39,661 (53.2%)
H3N2	59 (31.6%)	34,816 (46.7%)
H3N2v [†]	0	0
H5*	0	80 (0.1%)
Subtyping not performed	23 (11.0%)	9,692 (11.5%)
Influenza B	127 (37.7%)	3,869 (4.4%)
Lineage testing performed	64 (50.4%)	1,882 (48.6%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	64 (100.0%)	1,882 (100.0%)
Lineage not performed	63 (49.6%)	1,987 (51.4%)

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

- 828/1.444 (57,3%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 616 (42,7%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Trecentoquarantuno ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 339 (99,4%) 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.
- 1.987/1.993 (99,7%) 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 6 al sottogruppo 3C.2a1b.2a.3a. Un sottogruppo di 437 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 262 (60%) 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.
- 442 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, 134 virus B/Victoria sono stati finora analizzati e 132 (98,5%) di questi 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 16^a settimana del 2025 si registra una modesta circolazione di virus respiratori, con un ritorno ai livelli base per la maggior parte dei paesi membri.

La circolazione dei **virus influenzali** è in diminuzione in quasi tutti i paesi membri, con prevalenza di virus influenzali di sottotipo A(H3) e di tipo B. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella sedicesima settimana di sorveglianza del 2025, è stata segnalata una positività dell'8% al virus influenzale, in ulteriore calo rispetto alla settimana precedente (12%) e ormai al di sotto della soglia epidemica del 10%.

Per quanto riguarda il **VRS**, la circolazione rimane sostenuta in un terzo dei paesi membri che stanno sperimentando una stagione piuttosto tardiva.

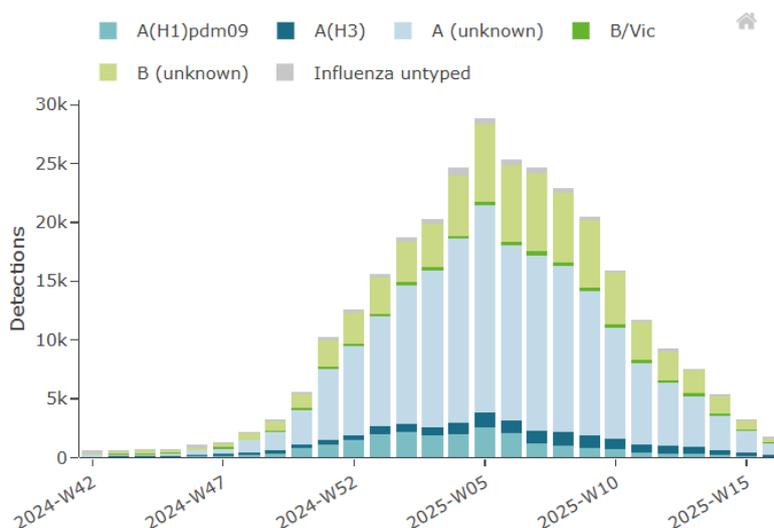
La circolazione del **SARS-CoV-2** rimane bassa.

Nella 16^a settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **1.691** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 1.311 (77,5%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 241 virus sottotipizzati, 143 (59,3%) sono risultati A(H3) e 98 (40,7%) A(H1)pdm09.
- 380 (22,5%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 12 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

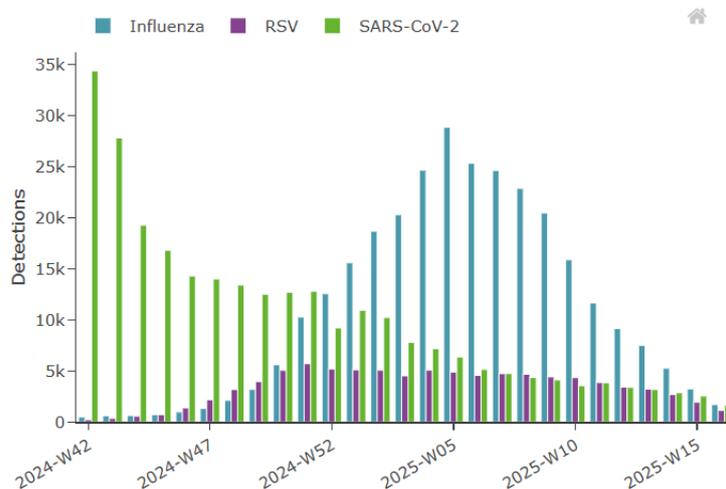
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2024/2025

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 6.783 ceppi di virus influenzale:

- 2.535/3.005 (84%) 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, 312 (10%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 158 (5,2%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021.
- 1.230/1.701 (72,3%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 236 (13,9%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023, 157 (9,2%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024 e 42 (2,5%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 1.305/2.077 (62,8%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 362 (17,4%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024, 324 (15,6%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e 68 (3,3%) 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.