

RESPIVIRNET

SORVEGLIANZA INTEGRATA DEI VIRUS RESPIRATORI



# Rapporto Virologico

## RespiVirNet

### Stagione influenzale 2024-2025

Settimana **2025** – 17  
dal **21** al **27** aprile 2025

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 17/2025 (21 - 27 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 17/2025, la percentuale dei **campioni risultati positivi per influenza** risulta pari a **3,7%**, in ulteriore diminuzione rispetto alla settimana precedente (5,6%).
- Tra i 924 campioni ricevuti dai laboratori della rete RespiVirNet, **34** sono risultati positivi per **influenza**, di cui 24 di tipo **A** (13 di sottotipo H3N2, 3 H1N1pdm09 e 8 non ancora sottotipizzati) e 10 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati nella diciassettesima settimana, **33 (3,6%)** sono risultati positivi per **VRS**, **7 (0,7%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 287 sono risultati positivi per altri virus respiratori (**148 (16%) Rhinovirus**, **68 (7,3%) Metapneumovirus**, 26 Adenovirus, 21 virus Parainfluenzali, 18 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e 6 Bocavirus).
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (3,7 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/17*), tra cui in particolare **Rhinovirus**, **Metapneumovirus** e **virus dell'influenza**.
- In quest'ultimo rapporto viene incluso un aggiornamento relativo ai risultati delle **analisi filogenetiche** condotte sui geni codificanti per le emagglutinine (HA) dei virus dell'influenza circolanti in Italia nella stagione 2024/2025 (Figure 8-9), ed un aggiornamento sulle **analisi di farmaco-suscettibilità** effettuate su un sottocampione di virus influenzali.
- Durante la stagione 2024/2025, 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).

La sorveglianza virologica dell'influenza e degli altri virus respiratori, relativa alla stagione 2024-2025, si conclude con questa settimana, come previsto dal Protocollo Operativo RespiVirNet.

Si ringraziano tutti coloro che hanno partecipato, a diverso titolo e nei diversi ambiti di competenza, alle attività di monitoraggio della circolazione dei virus dell'influenza e degli altri virus respiratori nel nostro Paese, contribuendo in modo significativo ai dati raccolti in ambito internazionale, utili per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2025-2026.

Si ringraziano in particolare tutti i **Laboratori Periferici partecipanti**:

Azienda Sanitaria dell'Alto Adige – Comprensorio Sanitario di Bolzano (Elisabetta Pagani)  
 Azienda Provinciale per i Servizi Sanitari – Ospedale S.Chiera - P.A. di Trento (Lucia Collini)  
 Azienda Ospedaliera “Umberto Parini” di Aosta (Patrizia Falcone)  
 Università degli Studi di Trieste (Fabio Barbone)  
 Ospedale “Amedeo di Savoia” - Torino (Valeria Ghisetti)  
 Università degli Studi di Milano (Elena Pariani)  
 IRCCS “San Matteo” di Pavia (Fausto Baldanti)  
 ASST FBF Sacco - Ospedale L. Sacco Polo Universitario di Milano (Maria Rita Gismondo)  
 Università degli Studi di Genova (Giancarlo Icardi)  
 Università degli Studi di Padova (Angelo Dei Tos)  
 Università degli Studi di Parma (Paola Affanni, Maria Eugenia Colucci)  
 Università degli Studi di Firenze (Gian Maria Rossolini)  
 Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana – Pisa (Anna Lisa Capria)  
 Università degli Studi di Perugia (Barbara Camilloni)  
 Università Politecnica delle Marche Ancona (Stefano Menzo)  
 Presidio Ospedaliero “Santo Spirito” di Pescara (Paolo Fazii)  
 Università Cattolica del Sacro Cuore – Roma (Maurizio Sanguinetti)  
 Azienda Ospedaliera dei Colli Monaldi-Cotugno – Napoli (Maria Grazia Coppola)  
 Azienda Ospedaliera “A. Cardarelli” di Campobasso (Massimiliano Scutellà)  
 Azienda Ospedaliera “San Carlo” di Potenza (Antonio Picerno)  
 Università degli Studi di Sassari (Salvatore Rubino)  
 UOC Igiene Policlinico di Bari (Maria Chironna)  
 Azienda Ospedaliera “Annunziata” – Cosenza (Francesca Greco)  
 Università degli Studi di Palermo (Francesco Vitale)

Inoltre si ringraziano tutti i **Referenti Regionali** e i **Medici Sentinella** che hanno contribuito a livello regionale alla raccolta dei campioni clinici.

**Gruppo di lavoro NIC-ISS**

Simona Puzelli  
 Marzia Facchini  
 Giuseppina Di Mario  
 Sara Piacentini  
 Angela Di Martino  
 Laura Calzoletti  
 Concetta Fabiani

**Dip. Malattie Infettive (DMI)-ISS**

Emanuela Giombini  
 Paola Stefanelli  
 Anna Teresa Palamara

**CCM – Ministero della Salute**

Francesco Maraglino  
 Anna Caraglia



## ITALIA

Durante la settimana 17/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **924** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **34 (3,7%)** sono risultati positivi per **influenza**, 24 di tipo **A** (13 di sottotipo **H3N2**, 3 **H1N1pdm09** e 8 non ancora sottotipizzati) e 10 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 9.166 ceppi di tipo A (66,7%) e 4.580 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, 148 (16%) sono risultati positivi per **Rhinovirus**, 68 (7,3%) per **Metapneumovirus**, 33 (3,6%) per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 26 per **Adenovirus**, 21 per **virus Parainfluenzali**, 18 per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 7 (0,7%) per **SARS-CoV-2** e 6 per **Bocavirus** (Tabella 2b).

Durante la settimana 17/2025, sono state inoltre segnalate due diagnosi di **Mycoplasma pneumoniae**, una dal laboratorio di Bolzano 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 diciassettesima settimana (3,7 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/17*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus e virus dell'influenza (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 afferenti alla RespiVirNet che hanno comunicato dati nella 17<sup>a</sup> settimana del 2025

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	S.Menzo
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
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
PESCARA	PO "Santo Spirito"	P. Fazii
PISA	AO Universitaria Pisana	A. L. Capria

<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 46/2024)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	TOT
<b>Flu A</b>	20	25	41	59	99	187	272	576	868	965	1.181	1.087	772	698	542	501	377	283	218	135	111	74	51	24	<b>9.166</b>
A	1	1	2	11	10	20	48	68	118	130	169	158	117	104	78	88	48	26	25	19	12	8	3	8	<b>1.272</b>
A(H3N2)	5	2	6	6	19	40	67	191	250	288	358	391	322	295	292	273	225	190	156	87	80	52	34	13	<b>3.642</b>
A(H1N1)	14	22	33	42	70	127	157	317	500	547	654	538	333	299	172	140	104	67	37	29	19	14	14	3	<b>4.252</b>
<b>Flu B</b>	4	6	12	18	30	56	76	125	186	259	441	495	458	507	442	431	312	281	165	93	99	48	26	10	<b>4.580</b>
<b>TOT. POS.</b>	<b>24</b>	<b>31</b>	<b>53</b>	<b>77</b>	<b>129</b>	<b>243</b>	<b>348</b>	<b>701</b>	<b>1.054</b>	<b>1.224</b>	<b>1.622</b>	<b>1.582</b>	<b>1.230</b>	<b>1.205</b>	<b>984</b>	<b>932</b>	<b>689</b>	<b>564</b>	<b>383</b>	<b>228</b>	<b>210</b>	<b>122</b>	<b>77</b>	<b>34</b>	<b>13.746*</b>

\*Su un totale di 59.674 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	17	TOT
<b>SCoV2</b>	53	65	68	98	90	77	69	93	104	95	85	64	56	42	29	35	25	29	21	22	14	18	14	7	<b>1.273</b>
<b>Adeno</b>	61	55	68	90	86	102	77	72	61	69	62	61	62	64	76	67	68	60	61	67	49	53	43	26	<b>1.560</b>
<b>Boca</b>	5	5	9	9	9	13	15	16	17	23	23	31	20	36	21	28	28	22	18	19	17	9	8	6	<b>407</b>
<b>Corona</b>	23	32	45	75	76	87	82	105	114	137	132	116	106	113	110	85	52	68	64	54	32	37	28	18	<b>1.791</b>
<b>Meta</b>	3	4	11	11	12	23	19	41	33	44	74	81	84	89	129	127	154	188	149	157	168	153	93	68	<b>1.915</b>
<b>Rhino</b>	247	267	313	338	281	287	185	207	219	237	218	215	218	237	247	237	241	231	226	252	294	275	211	148	<b>5.831</b>
<b>VRS</b>	18	29	64	85	139	149	205	207	233	256	403	403	440	432	405	314	262	209	190	146	116	67	52	33	<b>4.857</b>
<b>Para</b>	39	51	45	50	31	41	15	19	21	33	19	11	14	10	19	15	10	13	17	18	31	19	38	21	<b>600</b>
<b>TOT. POS.</b>	<b>449</b>	<b>508</b>	<b>623</b>	<b>756</b>	<b>724</b>	<b>779</b>	<b>667</b>	<b>760</b>	<b>802</b>	<b>894</b>	<b>1.016</b>	<b>982</b>	<b>1.000</b>	<b>1.023</b>	<b>1.036</b>	<b>908</b>	<b>840</b>	<b>820</b>	<b>746</b>	<b>735</b>	<b>721</b>	<b>631</b>	<b>487</b>	<b>327</b>	<b>18.234</b>

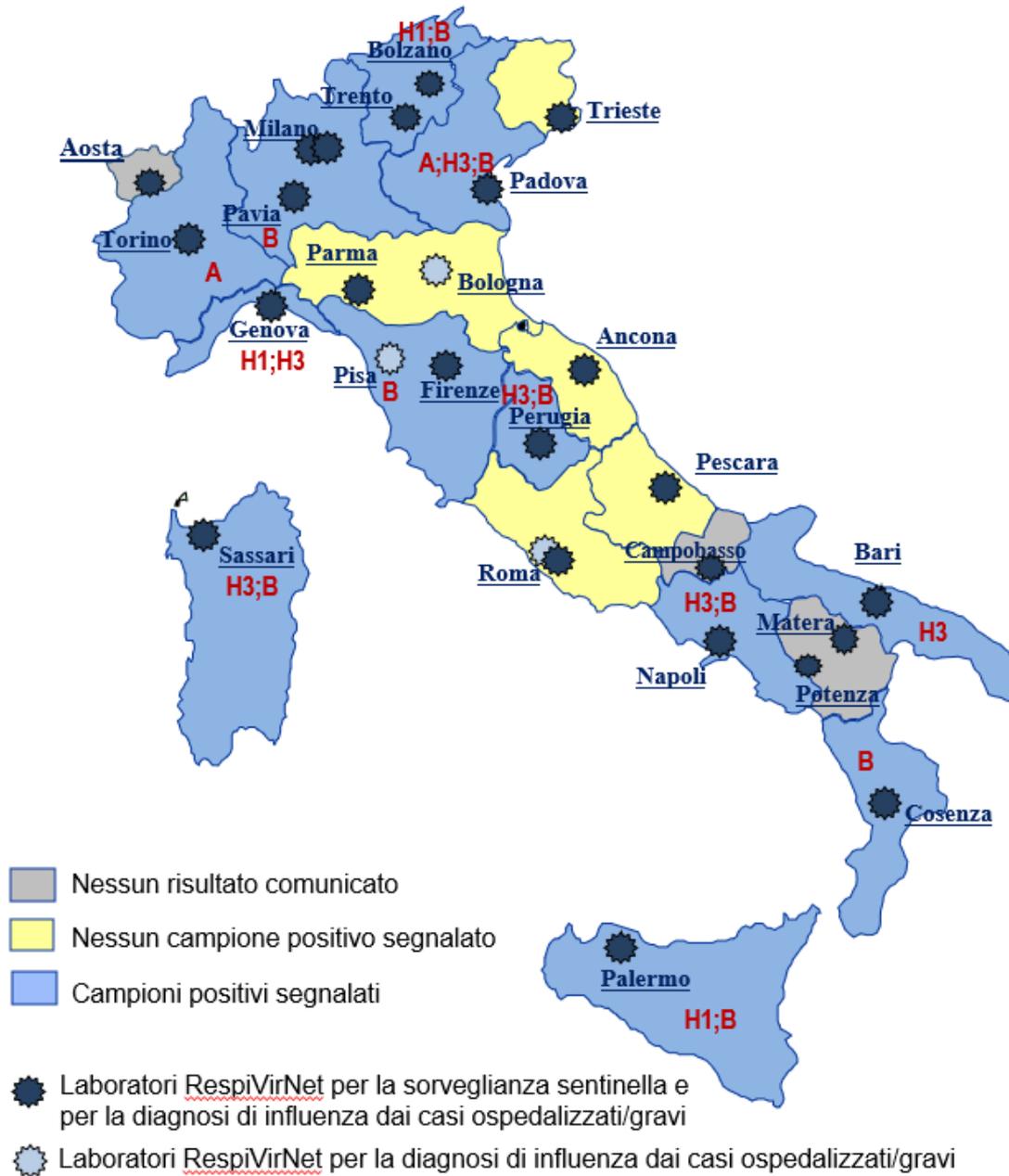
*Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2; Para: virus Parainfluenzali*

*SCoV2: SARS-CoV-2; Adeno: Adenovirus; Boca: Bocavirus; Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2;*

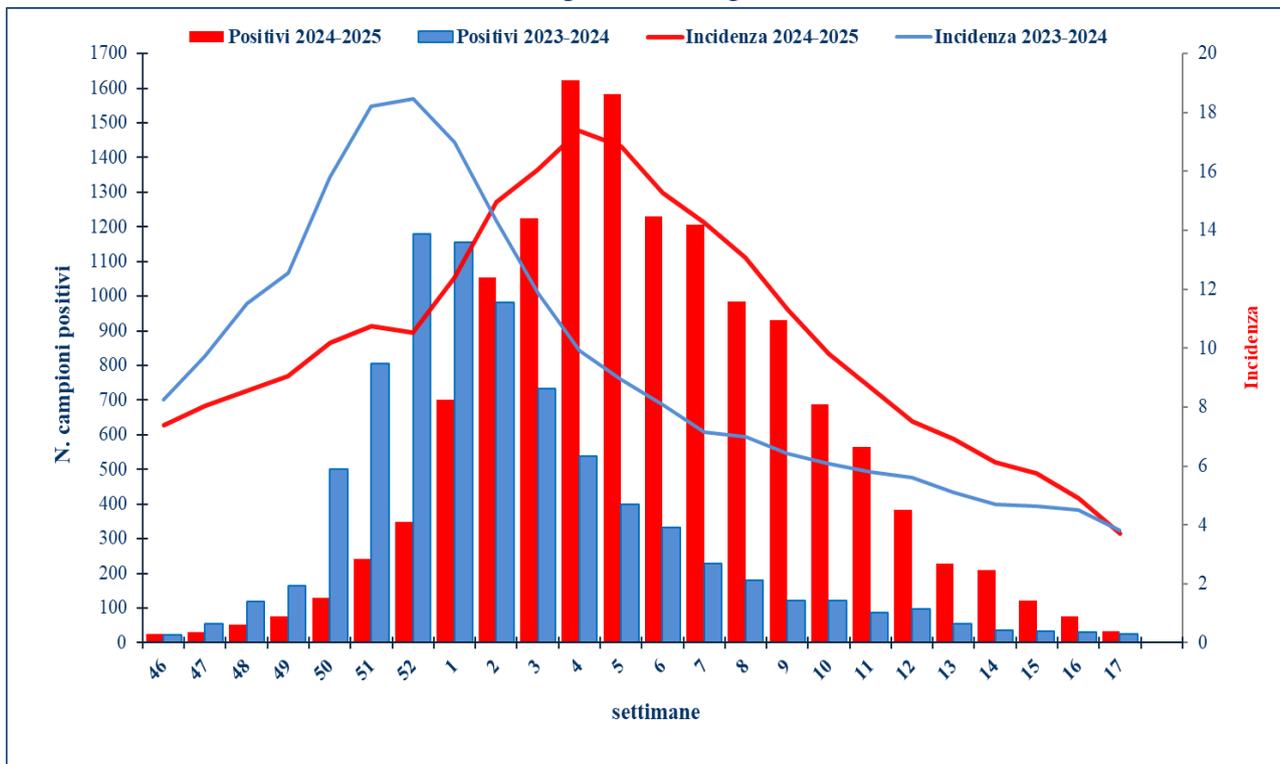
*Meta: Metapneumovirus; Rhino: Rhinovirus; Para: virus Parainfluenzali*

*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 una singola segnalazione.*

Figura 1 Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 17<sup>a</sup> 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)

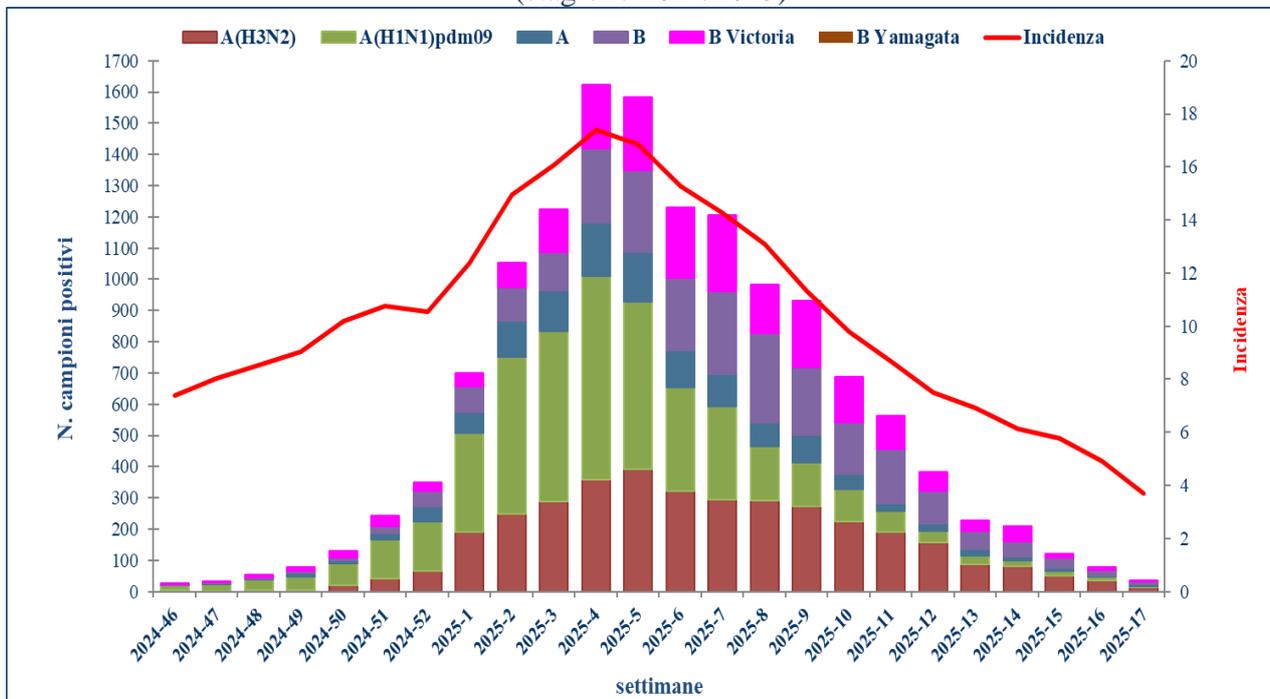


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (A e B), **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)

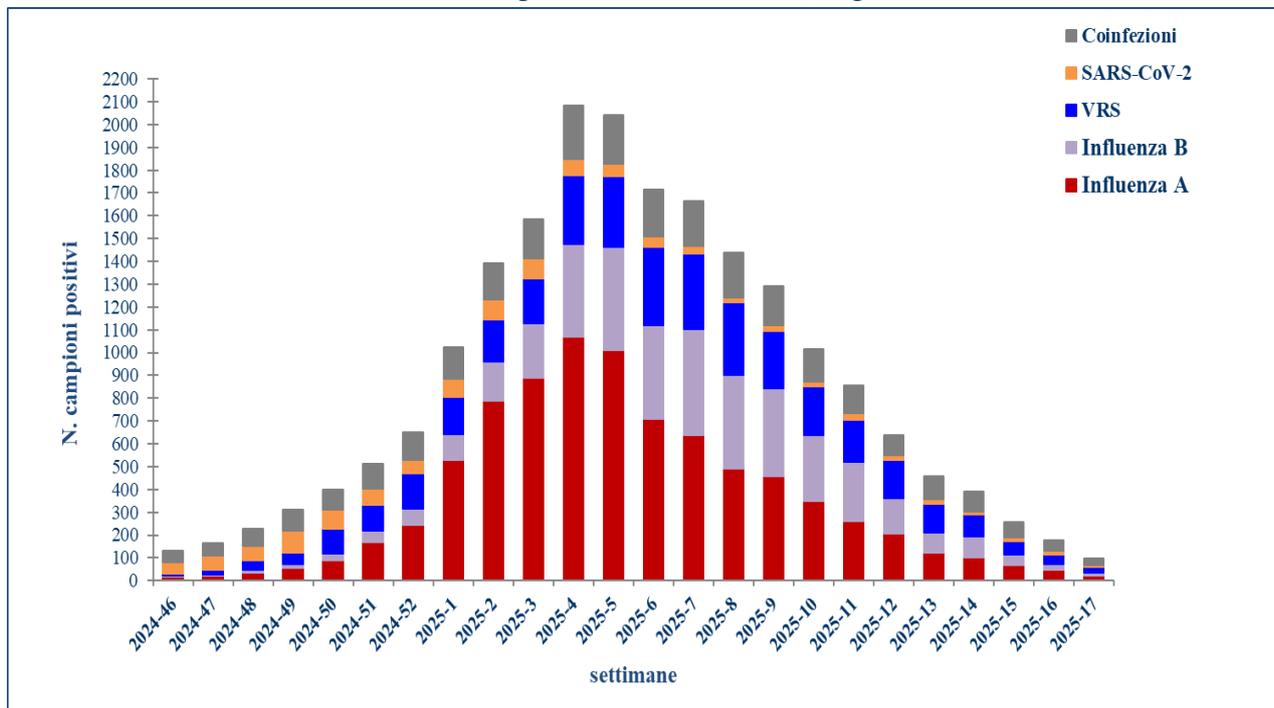
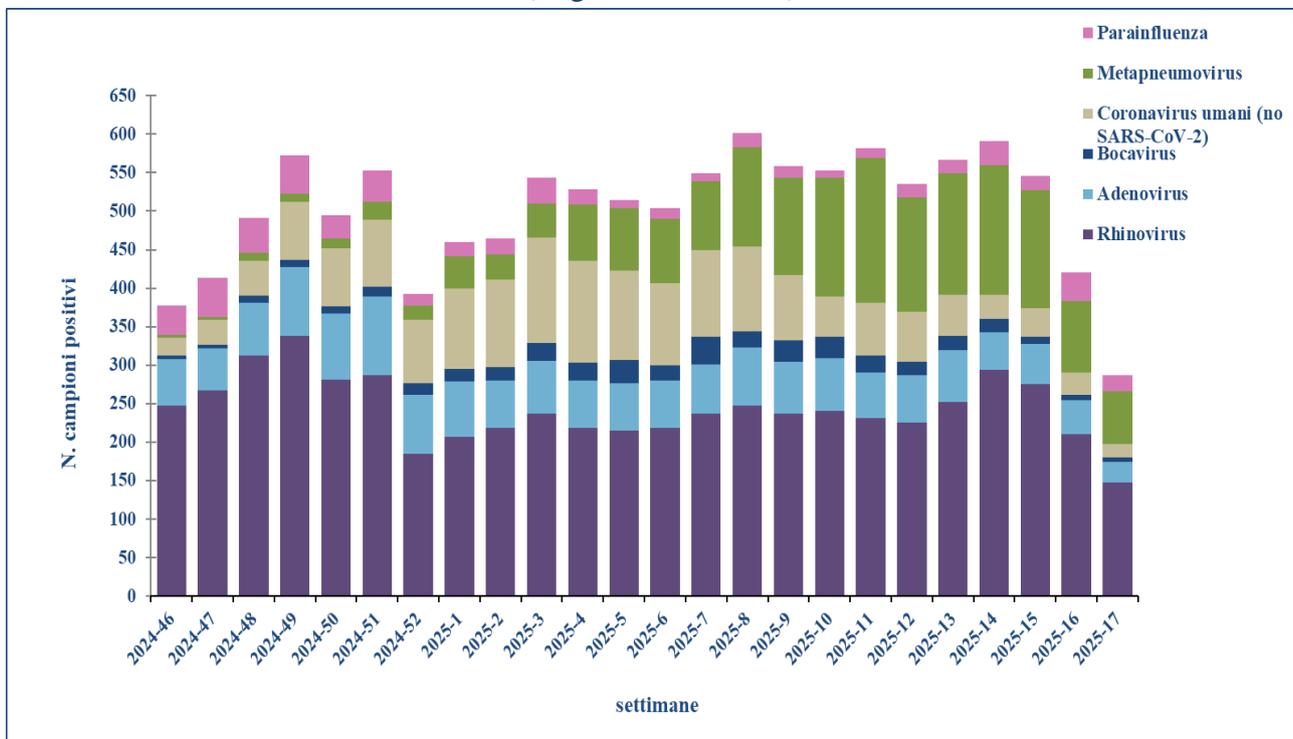
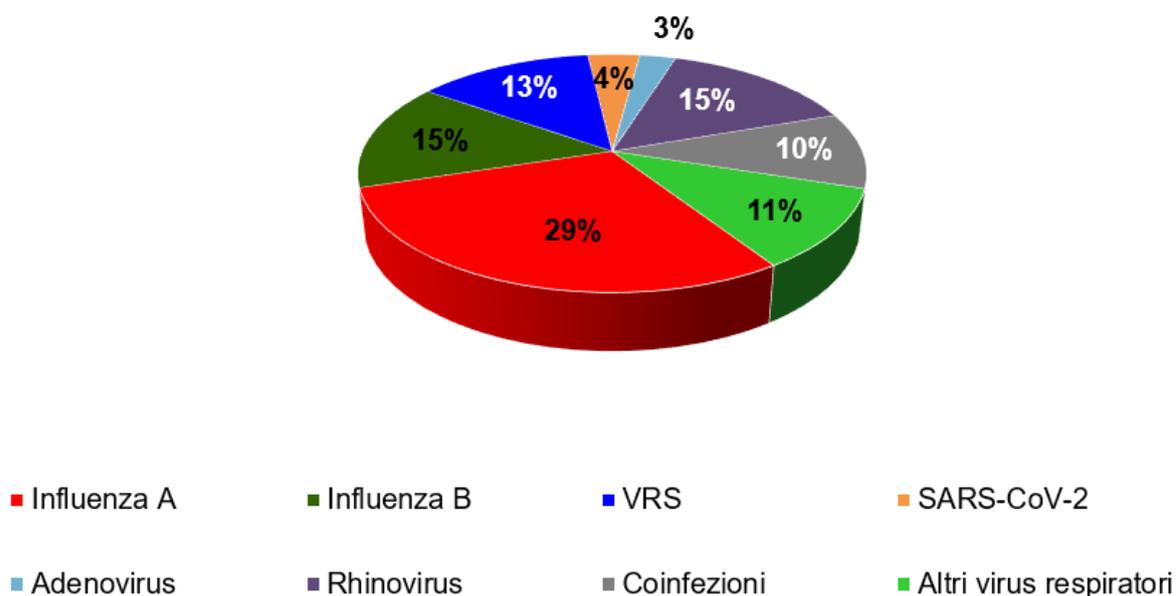


Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2024/2025)

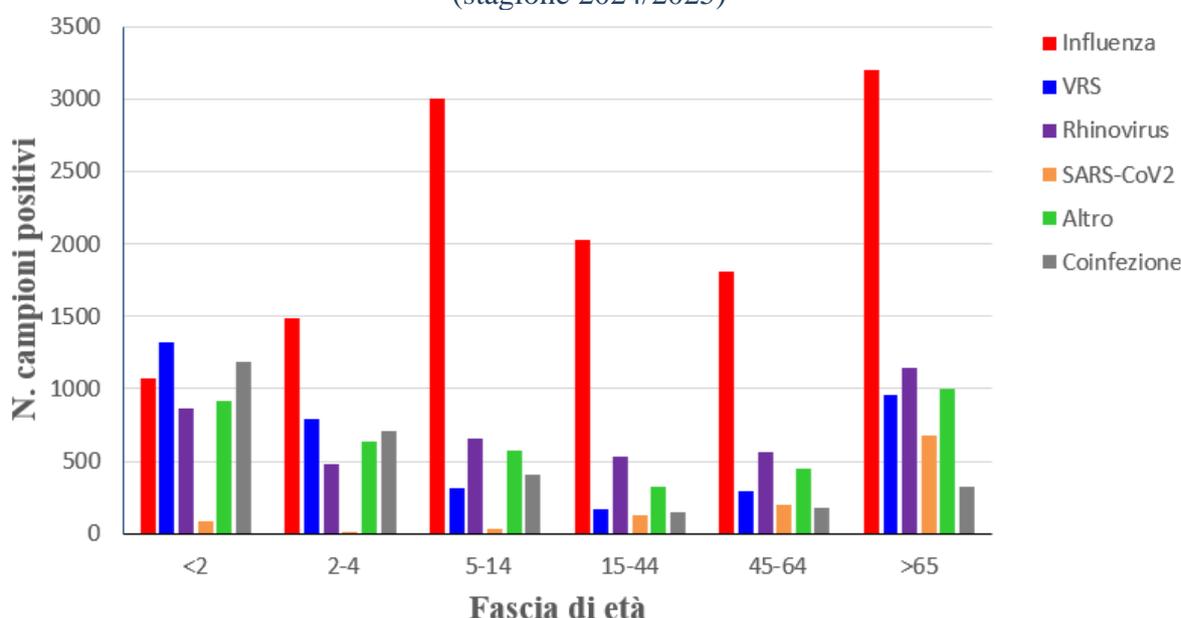


**Figura 6** Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-17/2025)



*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 ceppi di virus influenzale identificati in Italia durante la stagione 2024-2025

La stagione influenzale 2024-2025 in Italia è stata caratterizzata dalla co-circolazione di virus influenzali di tipo A e B, con una prevalenza di virus di tipo A (66,7% dei campioni risultati positivi all'influenza), rispetto ai virus di tipo B (33,3%). Nell'ambito dei virus A sottotipizzati, il 54% è risultato appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e il 46% al sottotipo H3N2.

Tutti i virus B finora caratterizzati (45% dei virus B identificati) sono risultati appartenere al lineage Victoria.

Le analisi molecolari e filogenetiche e relative al gene HA di un sottocampione di virus influenzali **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia (vedi Figura 8 del *Rapporto N. 12 del 7 febbraio 2025*), hanno confermato 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 due principali sottogruppi caratterizzati da ulteriori cambiamenti aminoacidici: i) S83P, I510T (*subclade C.1.9.3*), ii) P137S (*subclade C.1.9.1*).

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 stagioni 2024-2025 e 2025-2026).

Per quanto riguarda i virus influenzali **A(H3N2)**, le analisi filogenetiche relative al gene HA di un sottocampione dei ceppi identificati in Italia nella suddetta stagione, evidenziano la loro appartenenza al *clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1* (Figura 8). Nell'ambito di questo stesso *clade 2a.3a.1*, la maggior parte dei virus si raggruppa nel *subclade J.2*, stesso raggruppamento a cui appartengono i ceppi vaccinali selezionati per la prossima stagione 2025/2026, **A/Croatia/10136RV/2023** e **A/District Of Columbia/27/2023** e definito dai cambiamenti aminoacidici: N122D e K276E. Nel *subclade J.2* è, inoltre, possibile individuare ulteriori raggruppamenti genetici caratterizzati da mutazioni aggiuntive nella HA1 quali ad esempio: i) S124N (*subclade: J.2.2* virus di riferimento: A/Lisboa/216/2023), ii) P239S (*subclade: J.2.1* virus di riferimento: A/West Virginia/51/2024). Pochi ceppi si raggruppano nel *subclade J.1.1* definito dalle sostituzioni aminoacidiche I25V, V347M e S145N (virus di riferimento: A/Canberra/331/2023).

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di un sottocampione di virus influenzali di tipo **B** circolanti in Italia, ne evidenziano l'appartenenza al lineage Victoria (Figura 9) ed in particolare al *clade V1A.3a.2*, definito dalle sostituzioni aminoacidiche A127T, P144L e K203R nella HA1 (gruppo genetico a cui appartiene anche il ceppo vaccinale **B/Austria/1359417/2021**). Tutti i ceppi condividono il cambiamento aminoacidico D197E. All'interno dello stesso *clade* si

osserva la presenza di ulteriori gruppi genetici definiti da sostituzioni aminoacidiche aggiuntive non presenti nella HA del suddetto ceppo vaccinale, come ad esempio: i) E183K (*subclade*: C.5.1, virus di riferimento: B/Catalonia/2279261NS/2023), ii) E183K, E128G (*subclade*: C.5.7, virus di riferimento: B/Guangxi-Beiliu/2298/2023), iii) D129N (*subclade*: C.5.6, virus di riferimento: B/Switzerland/329/2024).

**Figura 8.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di un sottocampione di virus influenzali A(H3N2) identificati in Italia durante la stagione 2024/2025 (analisi effettuate presso il NIC).

**Ceppi vaccinali (stagione 2024/2025)**

**Ceppi vaccinali (stagione 2025/2026)**

**Ceppi di riferimento**

Data di raccolta (mese):

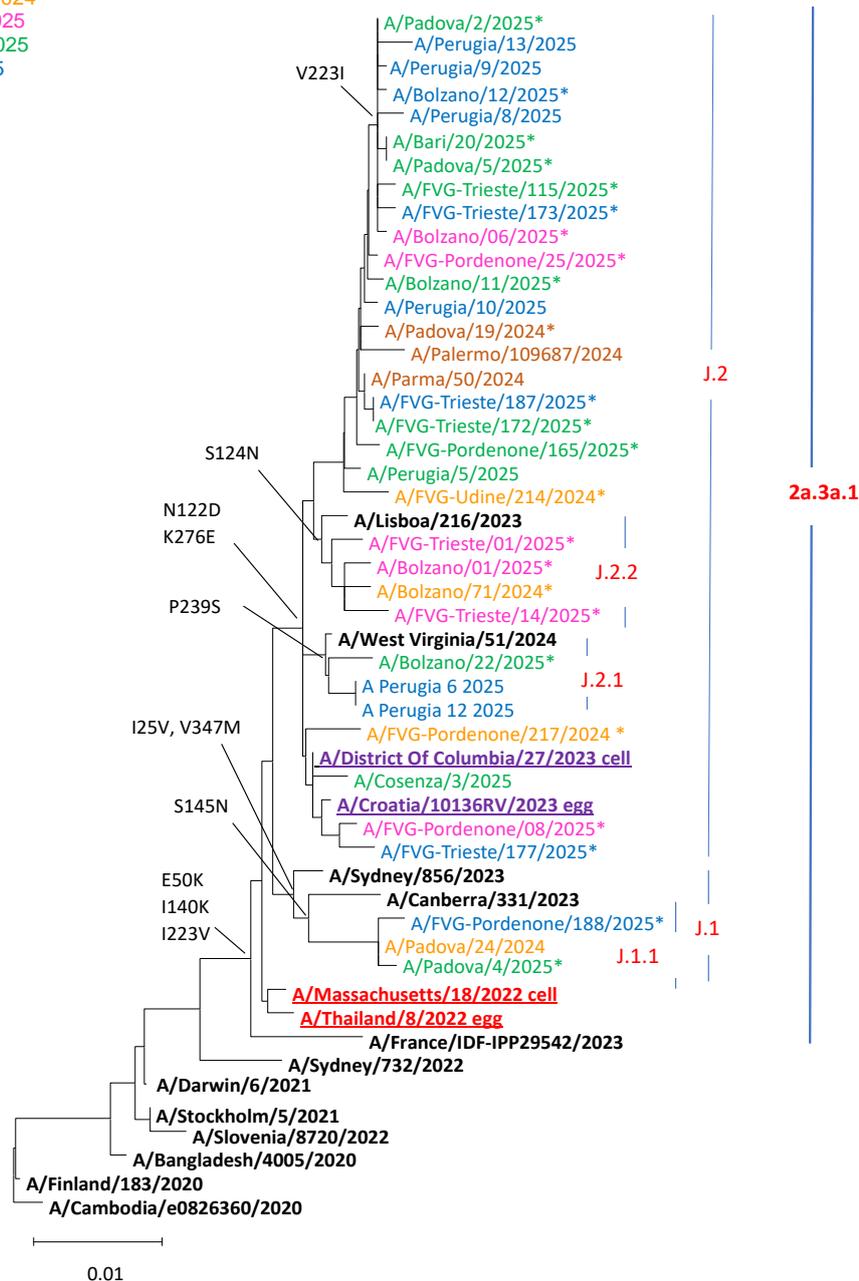
Novembre 2024

Dicembre 2024

Gennaio 2025

Febbraio 2025

Marzo 2025



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

**Figura 9.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di un sottocampione di virus influenzali di tipo B (Victoria) identificati in Italia durante la stagione 2024/2025 (analisi effettuate presso il NIC).

**Ceppo vaccinale (stagioni 2024/2025 – 2025/2026)**

**Ceppi di riferimento**

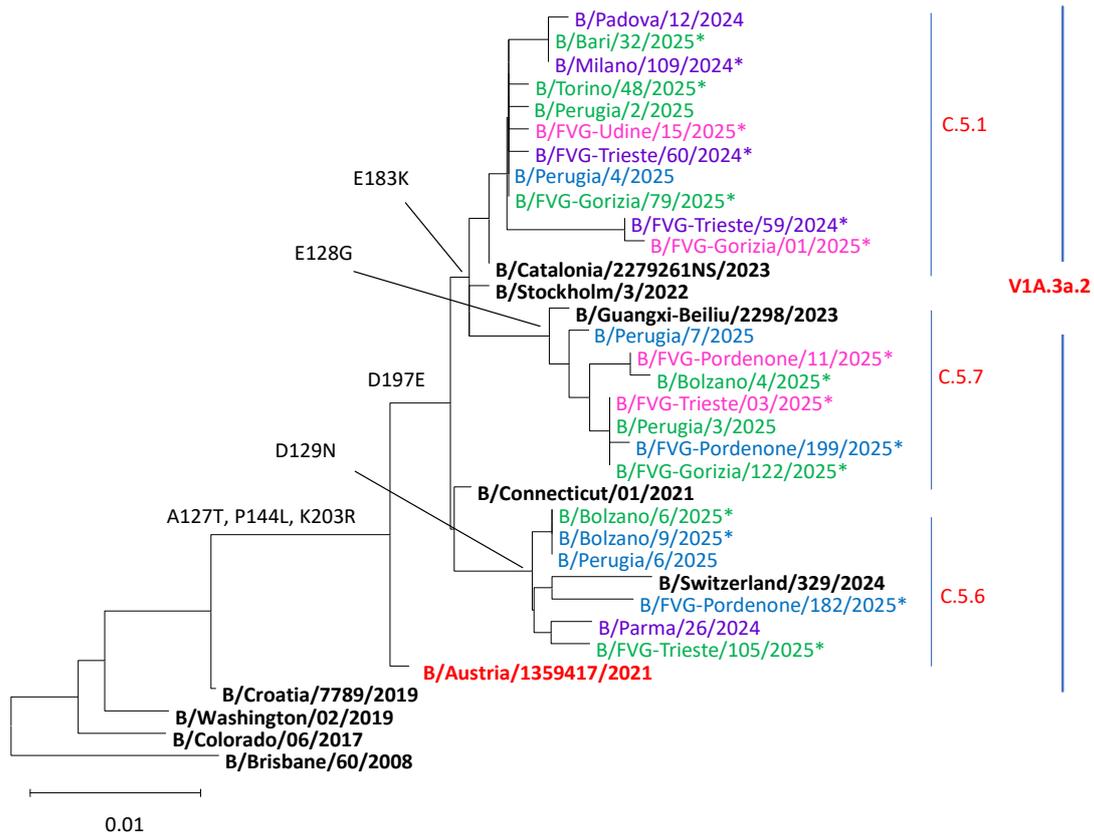
Data raccolta campioni (mese):

Dicembre 2024

Gennaio 2025

Febbraio 2025

Marzo 2025



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

## Analisi della farmaco-suscettibilità di virus influenzali isolati in Italia nella stagione 2024/2025

---

Nell'ambito della stagione 2024/2025, il NIC ha condotto attività di monitoraggio della farmaco-suscettibilità dei virus influenzali circolanti sul territorio nazionale mediante analisi fenotipiche e genotipiche.

Il saggio fenotipico (saggio enzimatico di inibizione della neuraminidasi-NA), utilizzato per la valutazione della suscettibilità degli isolati virali agli inibitori della neuraminidasi (IN: zanamivir e oseltamivir), è stato condotto sul 64% degli isolati virali. Tutti i virus analizzati, sia di tipo A (A(H3N2), A(H1N1)pdm09) sia di tipo B, sono risultati sensibili.

Per quanto riguarda i saggi genotipici, le analisi sono state condotte sia sulle sequenze del gene NA (neuraminidasi) sia su quelle del gene PA (proteina acida della polimerasi), al fine di identificare nei ceppi virali marcatori noti per essere associati rispettivamente ad una ridotta suscettibilità agli IN (oseltamivir e zanamivir) e agli inibitori delle polimerasi (baloxavir marboxil).

In particolare, le analisi delle sequenze NA di 369 ceppi virali (72 A(H3N2), 177 A(H1N1)pdm09 e 120 di tipo B) hanno mostrato la presenza della mutazione **H275Y** nel **gene NA** di 4 ceppi A/H1N1pdm09; tale mutazione è nota per essere associata a resistenza all'oseltamivir.

Non è stata invece identificata nessuna sostituzione amminoacidica associata a resistenza e/o a ridotta suscettibilità allo zanamivir.

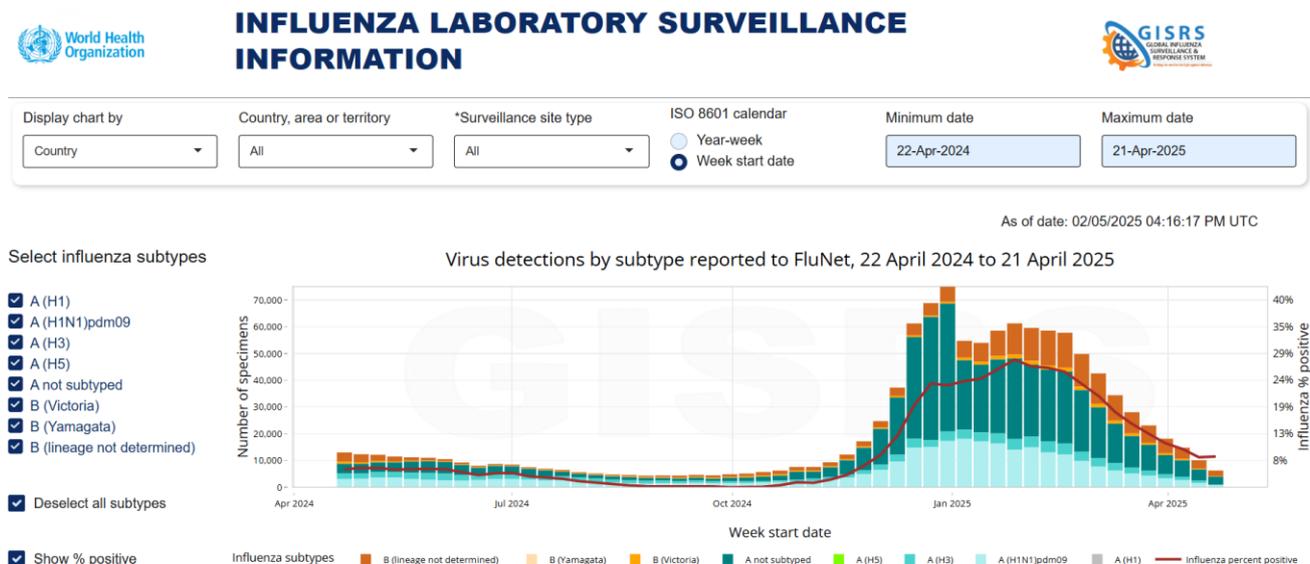
Le analisi delle sequenze del gene PA di 311 virus (78 A(H3N2), 137 A(H1N1)pdm09 e 96 di tipo B) non hanno evidenziato la presenza di mutazioni note per essere associate ad una ridotta suscettibilità al baloxavir marboxil.

## 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 resta elevata in America settentrionale e centrale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09), in America meridionale (prevalentemente virus A), in Africa occidentale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09), in Africa orientale (prevalentemente virus A), in Europa (prevalentemente virus A/H3N2 e B), in Asia occidentale e nel Sud-est Asiatico (virus appartenenti ai diversi tipi e sottotipi), in Asia meridionale (prevalentemente virus A/H3N2) e nell'Asia orientale (prevalentemente virus A/H1N1pdm09).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali rimane bassa, mentre è elevata in alcuni paesi del Sud America e dell'Oceania (prevalentemente virus A/H1N1pdm09), in Africa meridionale (prevalentemente virus A/H3N2), in Africa orientale e nel Sud-est Asiatico.

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 16<sup>a</sup> 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 continua a diminuire. Durante la settimana 17/2025, 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 **891** 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 347 campioni risultati positivi al virus influenzale, 240 (69,2%) appartenevano al tipo A: tra i 200 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 135 (67,5%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 65 (32,5%) al sottotipo H3N2. I restanti 107 (30,8%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 27 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 17	Data Cumulative since September 29, 2024 (Week 40)
No. of specimens tested	891	132,924
No. of positive specimens	347	90,131
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	240 (69.2%)	85,893 (95.3%)
Subtyping Performed	200 (83.3%)	76,118 (88.6%)
(H1N1)pdm09	135 (67.5%)	40,309 (53.0%)
H3N2	65 (32.5%)	35,729 (46.9%)
H3N2v <sup>†</sup>	0	0
H5*	0	80 (0.1%)
Subtyping not performed	40 (16.7%)	9,775 (11.4%)
Influenza B	107 (30.8%)	4,238 (4.7%)
Lineage testing performed	27 (25.2%)	2,080 (49.1%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	27 (100%)	2,080 (100%)
Lineage not performed	80 (74.8%)	2,158 (50.9%)

\*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 4.078 ceppi virali, raccolti a partire dal 29 settembre 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 912/1.528 (59,7%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 616 (40,3%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Trecentocinquantaquattro ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 352 (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.
- 2.055/2.061 (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.
- 489 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 17<sup>a</sup> 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 tornata ai livelli base, registrando una positività al di sotto della soglia epidemica del 10% nella maggior parte dei paesi membri, con prevalenza di virus influenzali di sottotipo A(H3) e di tipo B.

Per quanto riguarda il **VRS**, la circolazione risulta nel complesso in diminuzione sebbene alcuni paesi riportino ancora una circolazione sostenuta.

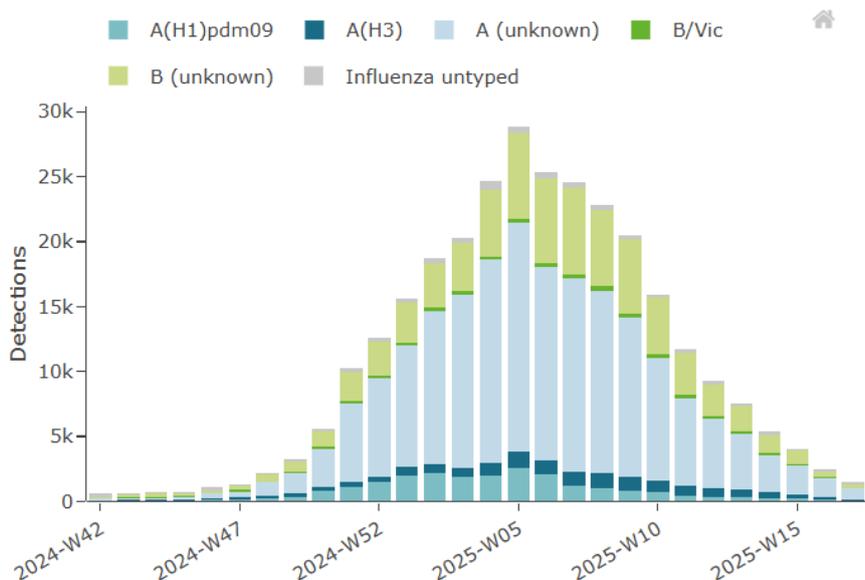
La circolazione del **SARS-CoV-2** rimane bassa.

Nella 17<sup>a</sup> settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **1.361** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

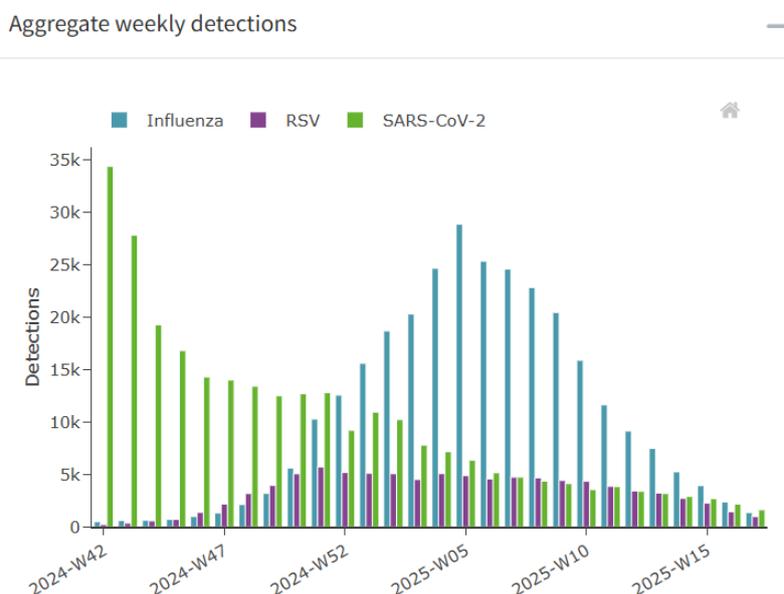
- 997 (73,3%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 127 virus sottotipizzati, 86 (67,7%) sono risultati A(H3) e 41 (32,3%) A(H1)pdm09.
- 364 (26,7%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, uno dei quali è risultato appartenere al lineaggio B/Victoria.

*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 7.628 ceppi di virus influenzale:

- 2.811/3.318 (84,7%) 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, 350 (10,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 157 (4,7%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021.
- 1.416/1.925 (73,5%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 263 (13,7%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023, 168 (8,7%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024 e 42 (2,2%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 1.429/2.385 (59,9%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 457 (19,2%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024, 410 (17,2%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e 71 (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.*