



Rapporto Virologico RespiVirNet

Stagione influenzale 2023-2024

Settimana **2024 – 17**
dal **22** al **28** aprile 2024

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 17/2024 (22-28 aprile 2024), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica RespiVirNet ([Protocollo Operativo RespiVirNet per la stagione 2023-2024](#)), 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 17/2024, la percentuale dei **campioni risultati positivi all'influenza** sul totale dei campioni analizzati risulta pari al **2,1%**.
- Dall'inizio della stagione, i **virus influenzali di tipo A** sono risultati largamente **prevalenti** (91,3%) rispetto ai virus di **tipo B** e il sottotipo **A(H1N1)pdm09** è risultato predominante. Tutti i virus B finora caratterizzati sono risultati appartenere al lineage Victoria.
- Tra i campioni analizzati della settimana 17/2024, **9 (0,9%)** sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, **5 (0,5%)** per **RSV**, mentre 278 sono risultati positivi per altri virus respiratori, di cui: 121 Rhinovirus, 63 Metapneumovirus, 58 virus Parainfluenzali, 19 Adenovirus, 13 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e 4 Bocavirus.
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 17 (3,8 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 3/05/2024*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus e virus Parainfluenzali.
- In quest'ultimo 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, A(H3N2) e B, circolanti in Italia nella stagione 2023/2024 (Figure 8-10).

Con questa settimana si conclude il periodo di sorveglianza virologica dell'influenza e degli altri virus respiratori, relativo alla stagione 2023-2024, come previsto dal Protocollo operativo RespiVirNet.

Si ringraziano tutte le persone che hanno partecipato, a diverso titolo e nei diversi ambiti di competenza, alle attività di monitoraggio della circolazione dei virus influenzali 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 2024-2025.

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 (Massimo Di Benedetto)
 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 (Maria Linda Vatteroni)
 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

CCM – Ministero della Salute

Francesco Maraglino
 Anna Caraglia

ITALIA

Durante la settimana 17/2024 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **949** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **20 (2,1%)** sono risultati positivi per **influenza**, 5 di tipo **A** (3 di sottotipo **H3N2**, 1 **H1N1pdm09** e uno non ancora sottotipizzato) e 15 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 7.292 ceppi di tipo **A** (91,3%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 693 di tipo **B** (8,7%) (Tabella 2a).

La circolazione dei virus respiratori risulta nel complesso in diminuzione. In particolare, nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 9 (0,9%) sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, 5 (0,5%) per **RSV**, mentre 278 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 121 **Rhinovirus**, 63 **Metapneumovirus**, 58 virus Parainfluenzali, 19 Adenovirus, 13 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e 4 Bocavirus (Tabella 2b).

Durante la settimana 17/2024, sono state segnalate 12 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, di cui 7 dal laboratorio di Bolzano (di cui una in coinfezione con Rhinovirus), 4 dal laboratorio di Padova e una da Perugia.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella settimana 17 (3,8 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico RespiVirNet del 3/05/2024*), tra cui in particolare Rhinovirus, Metapneumovirus e virus Parainfluenzali (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 riguardanti le indagini di laboratorio nella 17^a settimana del 2024

| Città | Laboratorio | Referente |
|----------------|------------------------------|-----------------|
| ANCONA | UNIVERSITA' | S.Menzo |
| AOSTA | AO "Umberto Parini" | M. Di Benedetto |
| 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 |
| 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 46/2023)

| | 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 |
|---------------------|----|----|-----|-----|-----|-----|------|------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|----|----|----|----|----|----|--------|
| FLU A | 22 | 51 | 117 | 162 | 493 | 797 | 1170 | 1147 | 974 | 717 | 515 | 371 | 270 | 168 | 110 | 59 | 55 | 29 | 27 | 13 | 10 | 4 | 6 | 5 | 7.292 |
| A | 0 | 0 | 2 | 10 | 27 | 61 | 198 | 236 | 153 | 108 | 77 | 50 | 35 | 26 | 18 | 13 | 6 | 4 | 5 | 5 | 3 | 0 | 3 | 1 | 1.041 |
| A(H3N2) | 3 | 3 | 5 | 2 | 7 | 25 | 22 | 35 | 33 | 24 | 22 | 22 | 24 | 21 | 16 | 16 | 25 | 8 | 4 | 2 | 1 | 2 | 3 | 3 | 328 |
| A(H1N1) | 19 | 48 | 110 | 150 | 459 | 711 | 950 | 876 | 788 | 585 | 416 | 299 | 211 | 121 | 76 | 30 | 24 | 17 | 18 | 6 | 6 | 2 | 0 | 1 | 5.923 |
| FLU B | 0 | 4 | 2 | 2 | 7 | 8 | 9 | 8 | 7 | 16 | 23 | 27 | 63 | 59 | 70 | 62 | 64 | 59 | 71 | 42 | 26 | 26 | 23 | 15 | 693 |
| TOT POSITIVI | 22 | 55 | 119 | 164 | 500 | 805 | 1179 | 1155 | 981 | 733 | 538 | 398 | 333 | 227 | 180 | 121 | 119 | 88 | 98 | 55 | 36 | 30 | 29 | 20 | 7.985* |

*Su un totale di 59.662 campioni clinici ricevuti dai Laboratori

N.B. I dati indicati 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 46/2023)

| | 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 |
|----------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--------|
| SC-2 | 182 | 333 | 418 | 402 | 521 | 438 | 349 | 344 | 222 | 167 | 128 | 75 | 65 | 60 | 41 | 16 | 17 | 15 | 12 | 13 | 15 | 9 | 12 | 9 | 3863 |
| Adeno | 45 | 33 | 40 | 36 | 52 | 38 | 42 | 36 | 40 | 23 | 37 | 43 | 42 | 44 | 48 | 39 | 48 | 55 | 61 | 38 | 38 | 42 | 41 | 19 | 980 |
| Boca | 0 | 1 | 3 | 5 | 3 | 3 | 7 | 7 | 16 | 10 | 12 | 21 | 24 | 14 | 12 | 16 | 16 | 15 | 13 | 16 | 6 | 13 | 14 | 4 | 251 |
| Corona | 11 | 10 | 17 | 25 | 25 | 24 | 30 | 30 | 42 | 32 | 61 | 65 | 71 | 66 | 56 | 53 | 47 | 60 | 48 | 49 | 39 | 31 | 25 | 13 | 930 |
| Meta | 3 | 3 | 7 | 6 | 10 | 13 | 12 | 13 | 18 | 22 | 24 | 28 | 47 | 46 | 61 | 90 | 115 | 118 | 138 | 116 | 119 | 137 | 113 | 63 | 1322 |
| Rhino | 162 | 175 | 170 | 128 | 149 | 148 | 88 | 92 | 118 | 113 | 131 | 114 | 150 | 130 | 130 | 147 | 154 | 171 | 157 | 149 | 164 | 171 | 171 | 121 | 3403 |
| RSV | 34 | 57 | 101 | 118 | 170 | 224 | 262 | 272 | 302 | 329 | 447 | 425 | 410 | 342 | 243 | 185 | 127 | 86 | 68 | 54 | 31 | 39 | 10 | 5 | 4341 |
| Parainf | 15 | 11 | 13 | 12 | 14 | 18 | 17 | 8 | 5 | 16 | 7 | 9 | 22 | 19 | 14 | 12 | 26 | 46 | 40 | 41 | 44 | 70 | 57 | 58 | 594 |
| TOT POS | 452 | 623 | 769 | 732 | 944 | 906 | 807 | 802 | 763 | 712 | 847 | 780 | 831 | 721 | 605 | 558 | 550 | 566 | 537 | 476 | 456 | 512 | 443 | 292 | 15.684 |

SC-2: SARS-CoV-2; Adeno: Adenovirus; Boca: Bocavirus; Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2; Meta: Metapneumovirus; Rhino: Rhinovirus; Parainf: virus Parainfluenzali

N.B. I dati indicati 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 17^a settimana del 2024

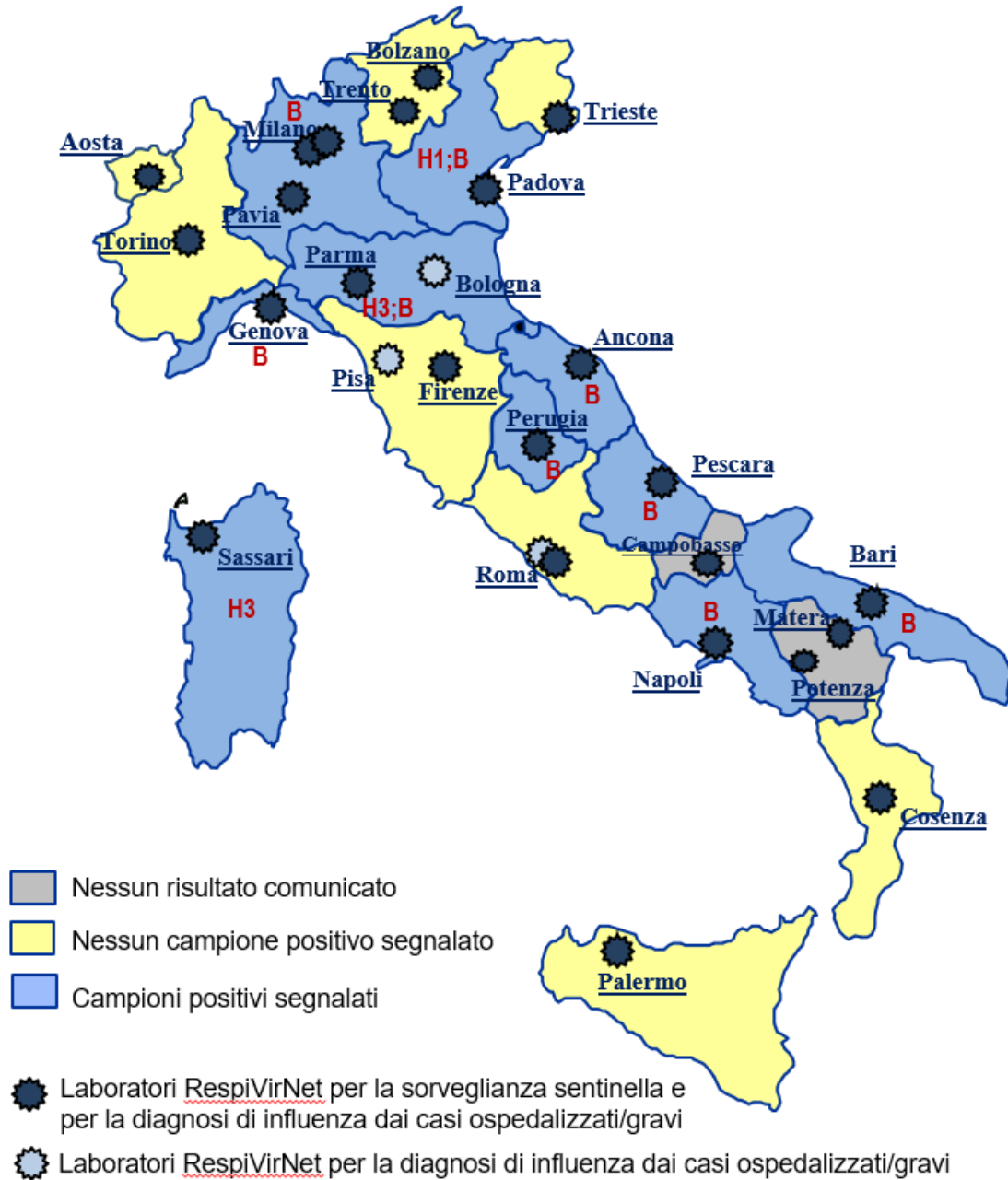


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi ai virus influenzali della presente stagione 2023-2024, rispetto alla stagione 2022-2023

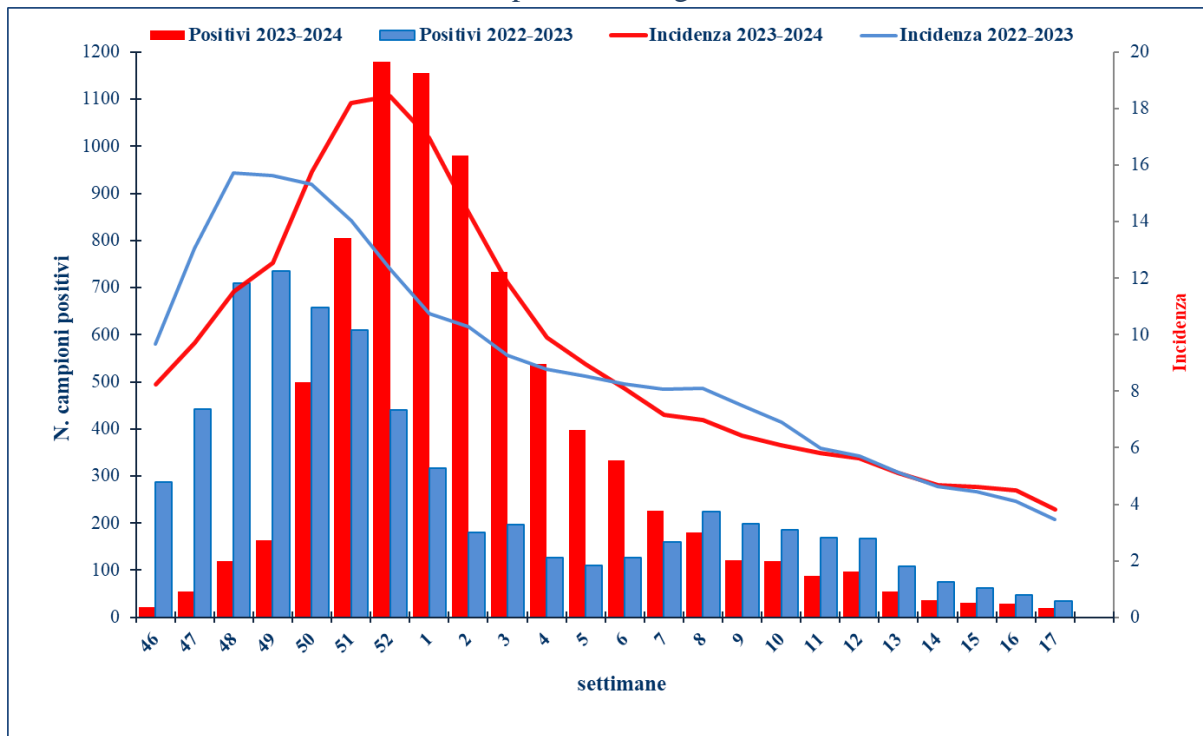


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi al virus influenzale, per tipo/sottotipo (stagione 2023-2024)

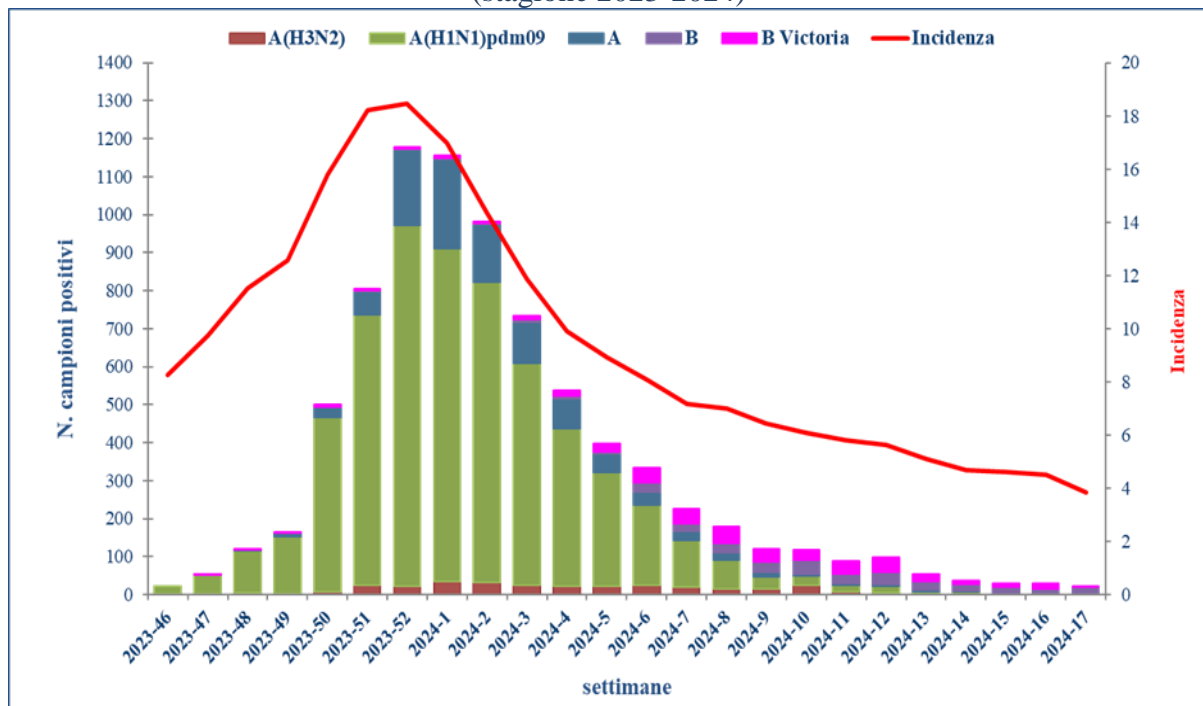
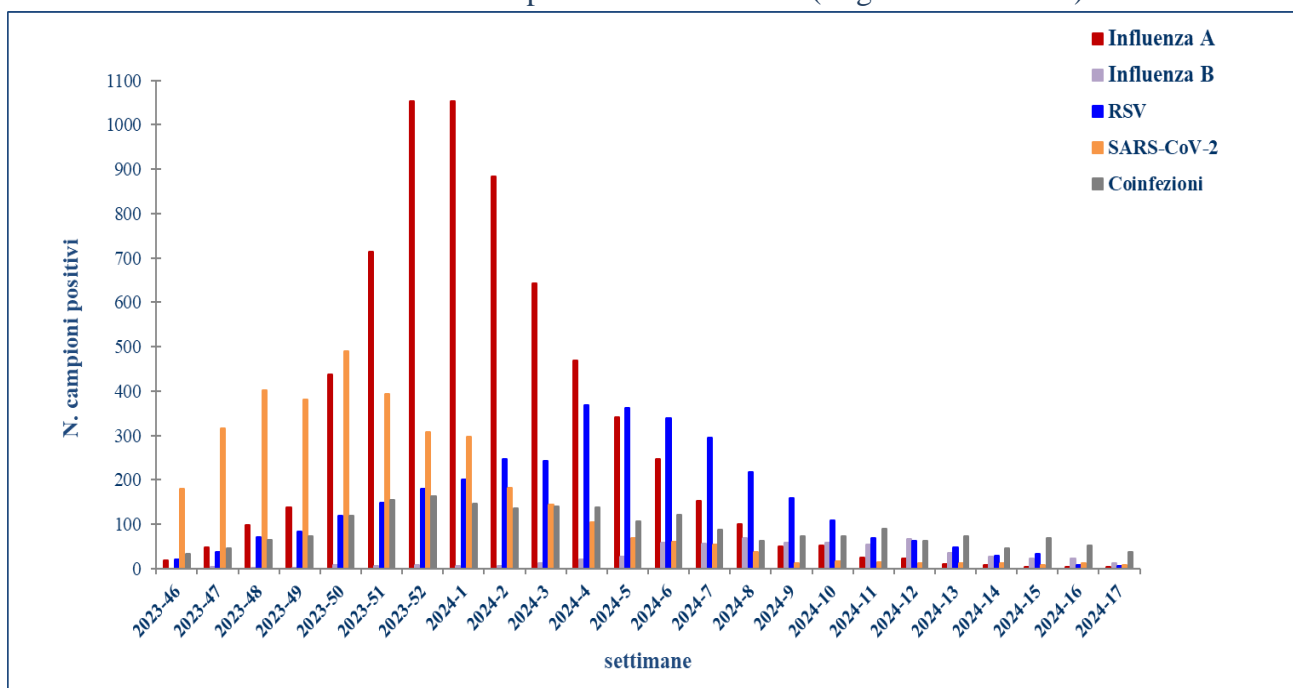


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza** (tipo A e B), **RSV** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2023-2024)



N.B. Le coinfezioni sono dovute in parte anche a più di due diversi virus respiratori nello stesso individuo

Figura 5 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad **altri virus respiratori** (stagione 2023-2024)

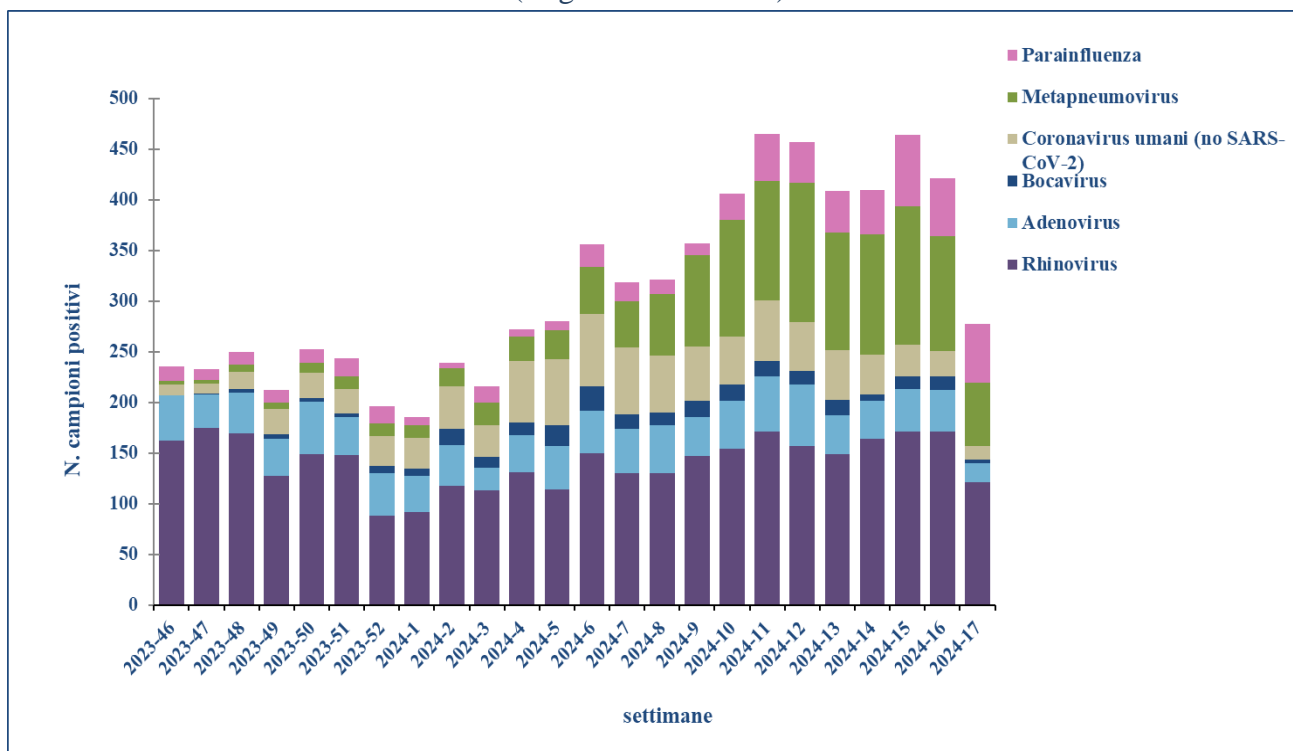
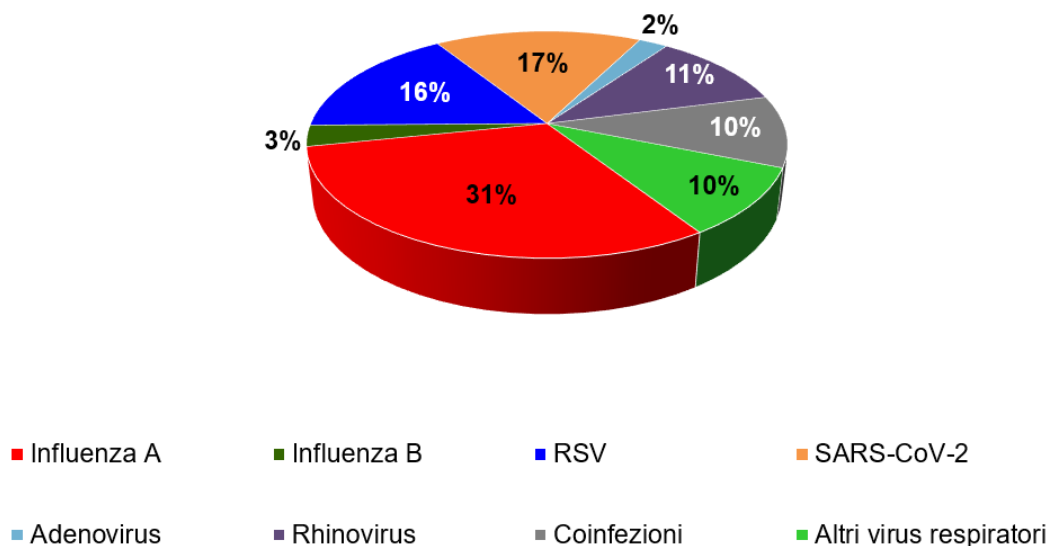


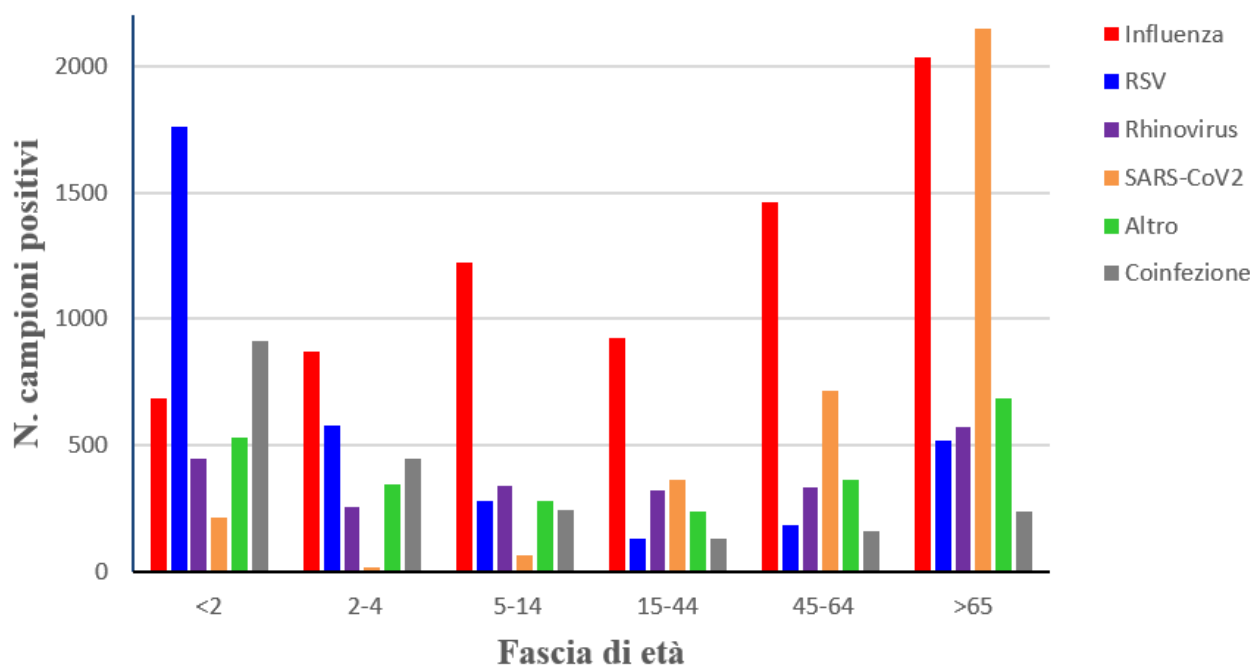
Figura 6 Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2023-17/2024)



Altri virus respiratori: Bocavirus, Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, Metapneumovirus, virus Parainfluenzali

N.B. Le proporzioni indicate sono da considerarsi in fase di consolidamento

Figura 7 Campioni positivi per fascia di età e tipo di virus (stagione 2023-2024)



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 epidemica 2023-2024

La stagione influenzale 2023-2024 in Italia è stata caratterizzata da una predominante circolazione di virus di tipo A (91,3% dei campioni risultati positivi all'influenza), rispetto ai virus di tipo B (8,7%). Nell'ambito dei virus A finora sottotipizzati, il 95% è risultato appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e il 5% al sottotipo H3N2.

Tutti i virus B finora caratterizzati sono risultati appartenere al lineaggio Victoria.

Per quanto riguarda i virus influenzali **A(H1N1)pdm09**, le analisi filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei ceppi identificati in Italia nella suddetta stagione (Figura 8), dal mese di gennaio 2024 in poi, evidenziano l'appartenenza dei ceppi analizzati a due gruppi genetici:

- *clade 6B.1A.5a.2a*, definito dalle sostituzioni aminoacidiche K54Q, A186T, E224A, R259K, K308R e rappresentato dal ceppo di riferimento **A/Sydney/5/2021**;
- *clade 6B.1A.5a.2a.1*, definito dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive P137S, K142R, D260E, T277A, T216A e rappresentato dal ceppo vaccinale **A/Victoria/4897/2022**.

La maggior parte dei virus **A(H1N1)pdm09** finora analizzati si raggruppa nel *clade 5a.2a*, come riportato anche da [altri paesi europei](#), nel quale i virus condividono la sostituzione aminoacidica I418V. Si individuano, inoltre, altri piccoli sottogruppi caratterizzati da cambiamenti aminoacidici aggiuntivi rispetto al suddetto ceppo di riferimento, quali ad esempio: i) V47I, I96T; ii) T120A, K169Q. Nell'ambito del *clade 5a.2a.1*, tutti i virus si dispongono nel gruppo genetico rappresentato dal virus **A/Victoria/4897/2022** (ceppo vaccinale confermato anche per la stagione 2024/2025) e caratterizzato dalla sostituzione aminoacidica aggiuntiva T216A.

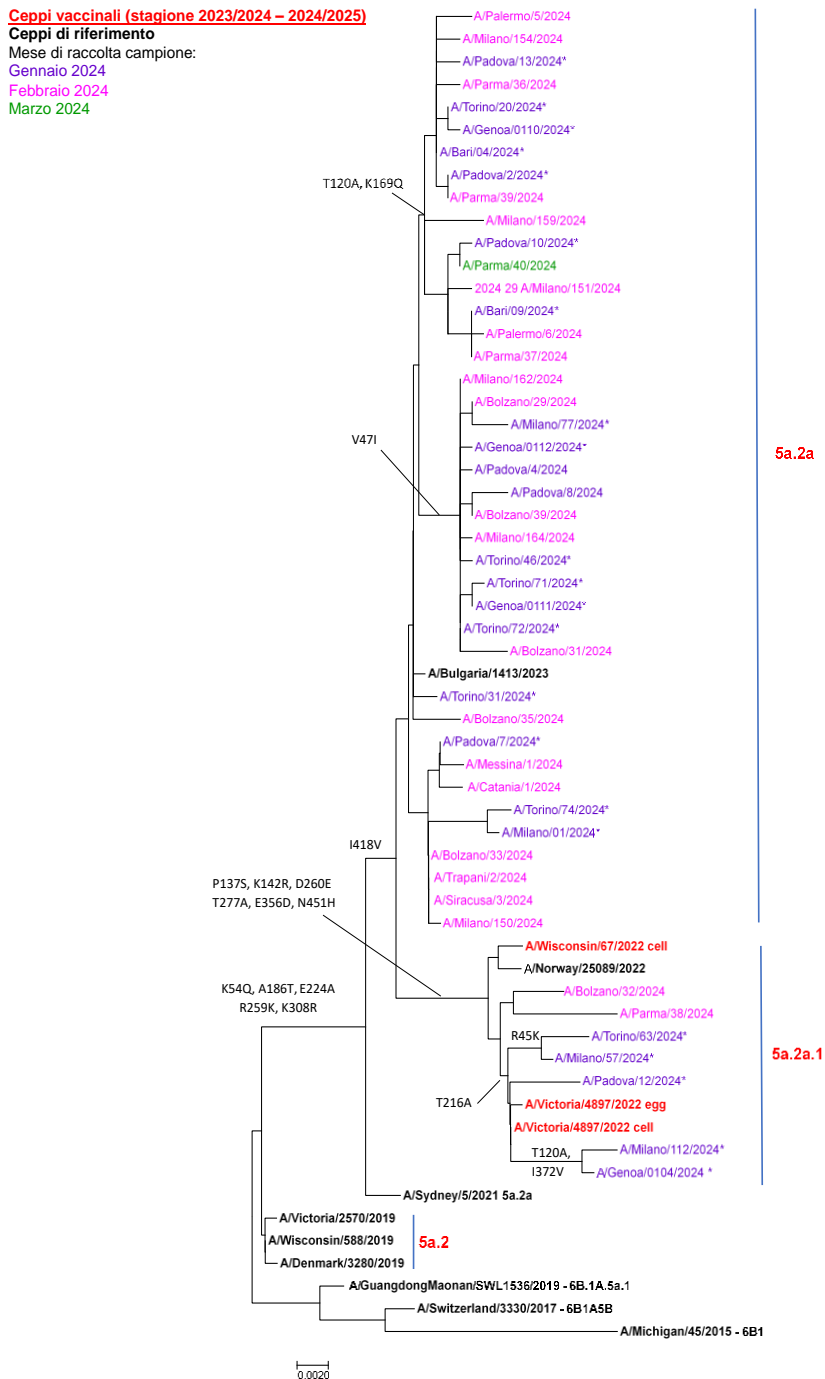
Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei virus influenzali **A(H3N2)** circolanti in Italia, ne evidenziano l'appartenenza al *clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1* (Figura 9). Nell'ambito di questo raggruppamento, tutti i ceppi condividono la sostituzione aminoacidica E50K. Inoltre, la maggior parte dei virus è caratterizzata dalla presenza dei cambiamenti aminoacidici aggiuntivi, I140K e I223V, presenti anche nei ceppi vaccinali selezionati per la stagione 2024/2025 **A/Thailand/8/2022** e **A/Massachusetts/18/2022**. Si individuano, inoltre, due raggruppamenti principali definiti dalle mutazioni: i) I25V, V347M e I418V (virus di riferimento: A/Sydney/856/2023), ii) N122D e K276E (virus di riferimento: A/Sydney/878/2023).

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione di virus influenzali di tipo **B** circolanti in Italia, ne evidenziano l'appartenenza al lineaggio Victoria (Figura 10) ed in particolare al *sub-clade* **V1A.3a.2**, definito dalle sostituzioni aminoacidiche A127T, P144L e K203R nella HA1 (sottogruppo genetico a cui appartiene anche il ceppo vaccinale **B/Austria/1359417/2021**).

All'interno dello stesso *sub-clade*, tutti i ceppi sono caratterizzati dalla presenza della sostituzione aggiuntiva D197E (virus di riferimento: B/Connecticut/01/2021).

Si osserva, inoltre, la presenza di ulteriori *clusters* definiti da cambiamenti aminoacidici aggiuntivi, non presenti nella HA del suddetto ceppo vaccinale, come ad esempio: i) E183K (virus di riferimento: B/Catalonia/2279261NS/2023), ii) E183K, E128G, iii) D129N (virus di riferimento: B/Norway/08717/2023).

Figura 8. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di una selezione di virus influenzali A(H1N1)pdm09 identificati in Italia durante la stagione 2023/2024 (analisi effettuate presso il NIC)



*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

Figura 9. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di una selezione di virus influenzali A(H3N2) identificati in Italia durante la stagione 2023/2024 (analisi effettuate presso il NIC)

Ceppi vaccinali (stagione 2023/2024)

Ceppi vaccinali (stagione 2024/2025)

Ceppi di riferimento

Mese di raccolta campione:

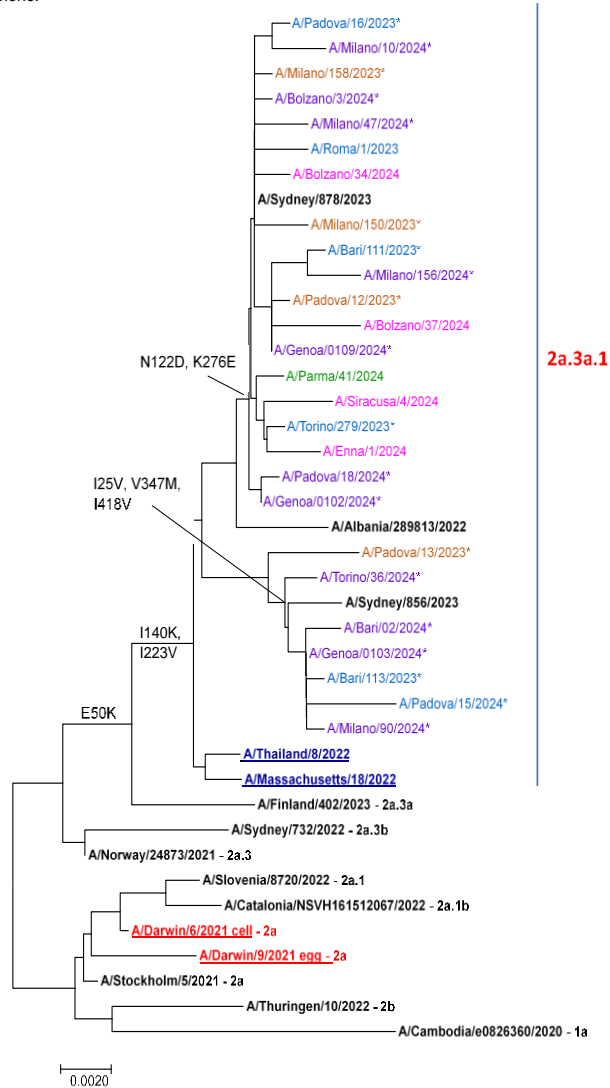
Novembre 2023

Dicembre 2023

Gennaio 2024

Febbraio 2024

Marzo 2024



*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

Figura 10. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di una selezione di virus influenzali di tipo B (Victoria) identificati in Italia durante la stagione 2023/2024 (analisi effettuate presso il NIC)

Ceppo vaccinale (stagione 2023/2024 – 2024/2025)

Ceppi di riferimento

Mese di raccolta campione:

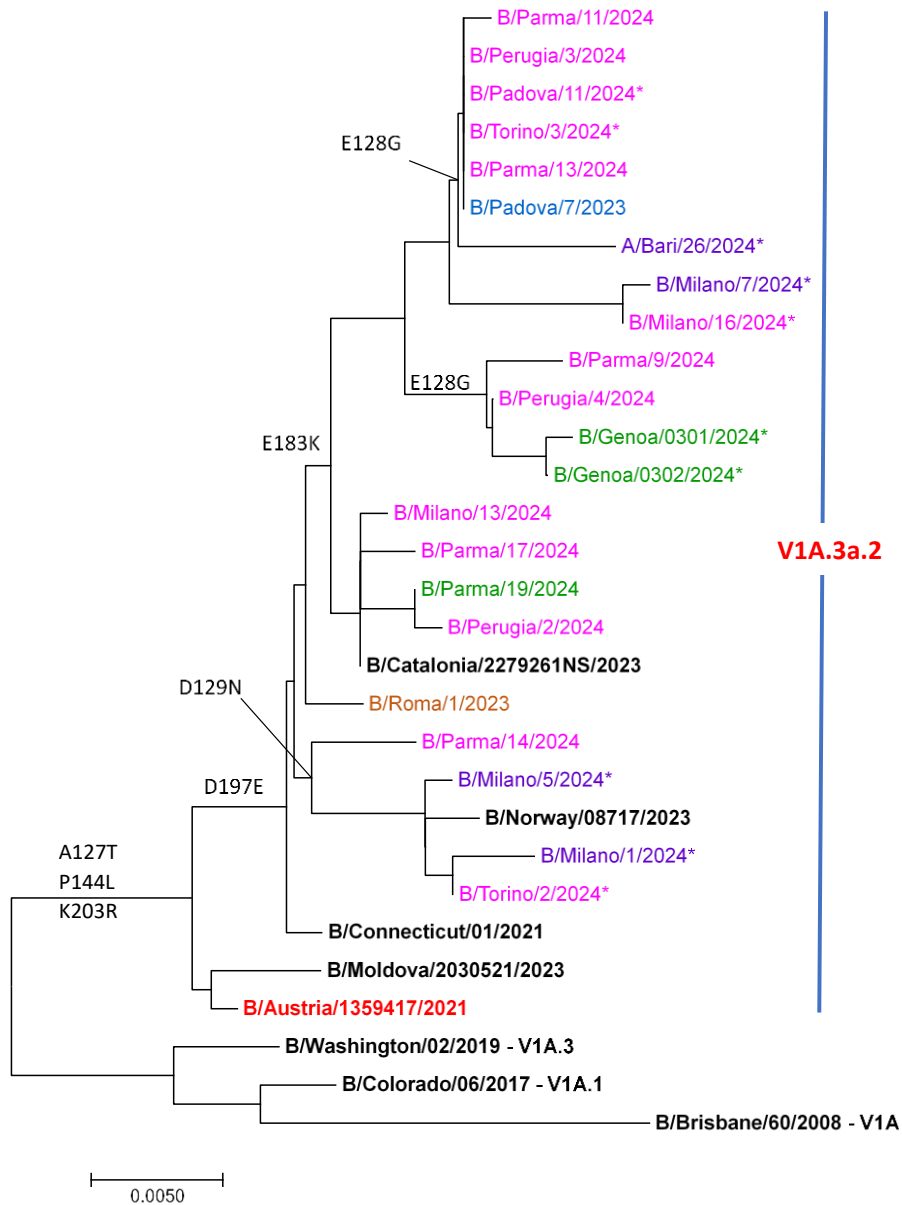
Novembre 2023

Dicembre 2023

Gennaio 2024

Febbraio 2024

Marzo 2024



*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

Analisi della farmaco suscettibilità di virus influenzali isolati in Italia nella stagione 2023/2024

Nell'ambito della stagione 2023/2024, 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, finora, condotto su un totale di 84 ceppi virali (87% degli isolati virali ottenuti presso il NIC), in particolare su 6 A/H3N2, 60 A/H1N1pdm09 e 18 B.

I risultati ottenuti hanno mostrato che tutti i virus analizzati sono sensibili sia all'oseltamivir che allo zanamivir.

Per quanto riguarda i saggi genotipici, le analisi sono state condotte sia sulle sequenze del gene NA 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 e agli inibitori delle polimerasi (baloxavir).

Le analisi delle sequenze del **gene NA**, condotte su 174 ceppi virali (15 A/H3N2, 138 A/H1N1pdm09 e 21 B), hanno evidenziato la presenza delle seguenti mutazioni:

- i) **H275Y** in un ceppo A(H1N1)pdm09, nota per essere associata a resistenza all'oseltamivir;
- ii) **I223K** in un ceppo A(H1N1)pdm09, nota per essere associata a ridotta sensibilità all'oseltamivir.

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

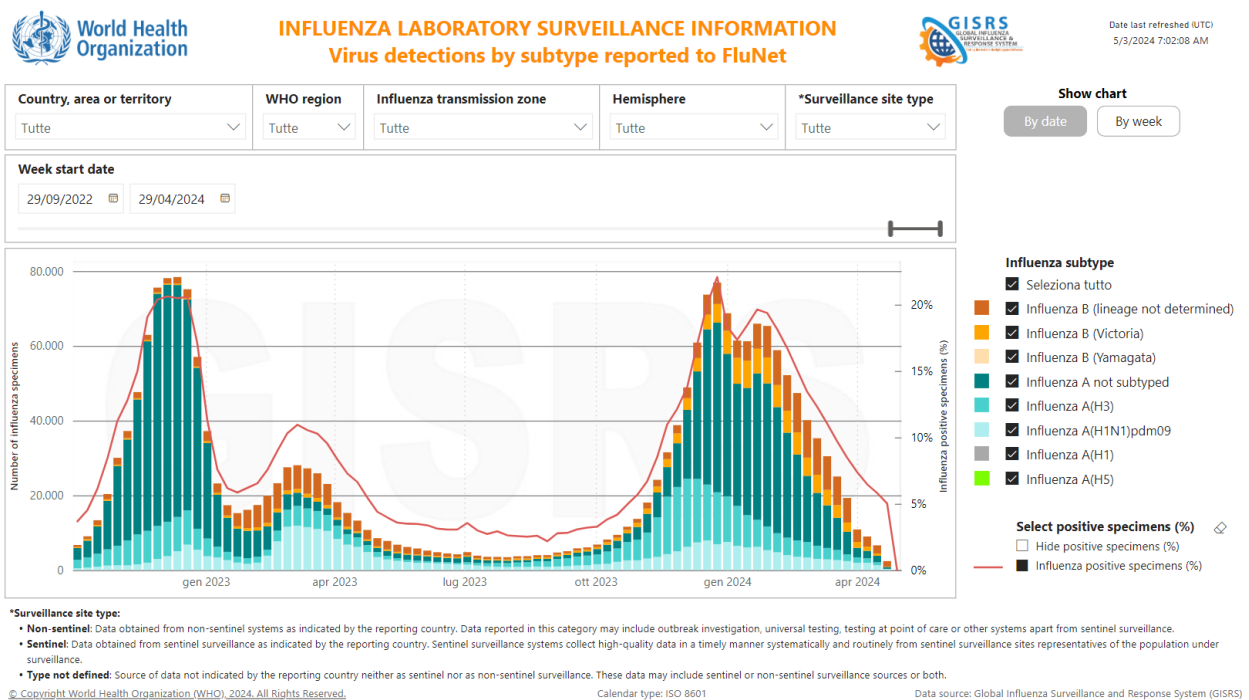
Le analisi delle sequenze del **gene PA**, condotte su 124 virus (15 A/H3N2, 94 A/H1N1pdm09 e 15 B) hanno mostrato la presenza della mutazione **G199R** (nota per essere associata ad una ridotta suscettibilità al baloxavir) in un ceppo di tipo B.

SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Le identificazioni di virus influenzali continuano a diminuire nella maggior parte dei paesi dell'emisfero Nord. Alcuni paesi dell'America centrale, dell'Europa orientale, dell'Asia occidentale e del Sud-Est Asiatico riportano una circolazione continua di virus influenzali, in proporzioni variabili nelle diverse aree geografiche.

Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali rimane bassa, ad eccezione del sud-America, dove è prevalentemente associata a virus di tipo A.

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 17^a settimana di sorveglianza del 2024, 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 risulta in diminuzione. Durante la settimana 16/2024, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate sia a ceppi di sottotipo A(H1N1)pdm09 e A(H3N2) sia a ceppi di tipo B.

In particolare, nella sopraindicata settimana, sono stati esaminati **900** 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 185 campioni risultati positivi al virus influenzale, 116 (63%) appartengono al tipo A, nell'ambito dei quali il 67% dei campioni sottotipizzati appartiene al sottotipo H3N2 ed il 33% al sottotipo H1N1pdm09. I restanti 69 (37%) campioni appartengono al tipo B, 39 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

| | Week 16 | Data Cumulative since October 1, 2023 (Week 40) |
|---|-------------|---|
| No. of specimens tested | 900 | 102,610 |
| No. of positive specimens | 185 | 33,910 |
| <i>Positive specimens by type/subtype</i> | | |
| Influenza A | 116 (62.7%) | 25,982 (76.6%) |
| Subtyping Performed | 63 (54.3%) | 21,493 (82.7%) |
| (H1N1)pdm09 | 21 (33.3%) | 14,982 (69.7%) |
| H3N2 | 42 (66.7%) | 6,511 (30.3%) |
| H3N2v | 0 (0.0%) | 0 (0.0%) |
| Subtyping not performed | 53 (45.7%) | 4,489 (17.3%) |
| Influenza B | 69 (37.3%) | 7,928 (23.4%) |
| Lineage testing performed | 39 (56.5%) | 6,561 (82.8%) |
| Yamagata lineage | 0 (0.0%) | 0 (0.0%) |
| Victoria lineage | 39 (100.0%) | 6,561 (100.0%) |
| Lineage not performed | 30 (43.5%) | 1,367 (17.2%) |

Il CDC riporta che nell'ambito dei 3.626 ceppi virali, raccolti a partire dal 1° ottobre 2023, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 1.107/1.457 (76%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, gli altri 350 al sottogruppo 6B.1A.5a.2a. Duecentoquarantaquattro 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 2023/2024 nell'Emisfero Nord.
- 1.170/1.173 (99,7%) ceppi H3N2 geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1b.2a, rappresentato dal ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021 ed in particolare al sottogruppo genetico 3C.2a1b.2a.3a.1 (ceppo di riferimento: A/Thailand/8/2022, incluso sia nella formulazione vaccinale per la stagione 2024 nell'Emisfero Sud, sia in quella per la stagione 2024/2025 nell'Emisfero Nord). Un sottogruppo di 265 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 262 (99%) di questi hanno mostrato una buona reattività sia verso il ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2023/2024 nell'Emisfero Nord.
- 996 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, 235 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 settimana 16/2024, la circolazione dei virus respiratori continua, nel complesso, a diminuire ed è tornata a livelli di base nella maggior parte dei paesi europei.

La circolazione dei **virus influenzali** continua a subire una progressiva diminuzione. Per la quinta settimana consecutiva viene riportata una percentuale di positività per influenza inferiore al 10% tra i campioni provenienti dal flusso sentinella. Nelle ultime 4 settimane, le identificazioni dei virus influenzali risultano maggiormente associate a ceppi di tipo B, che rappresentano l'83% del totale delle identificazioni di virus influenzali, sebbene risultino anch'essi in progressiva diminuzione.

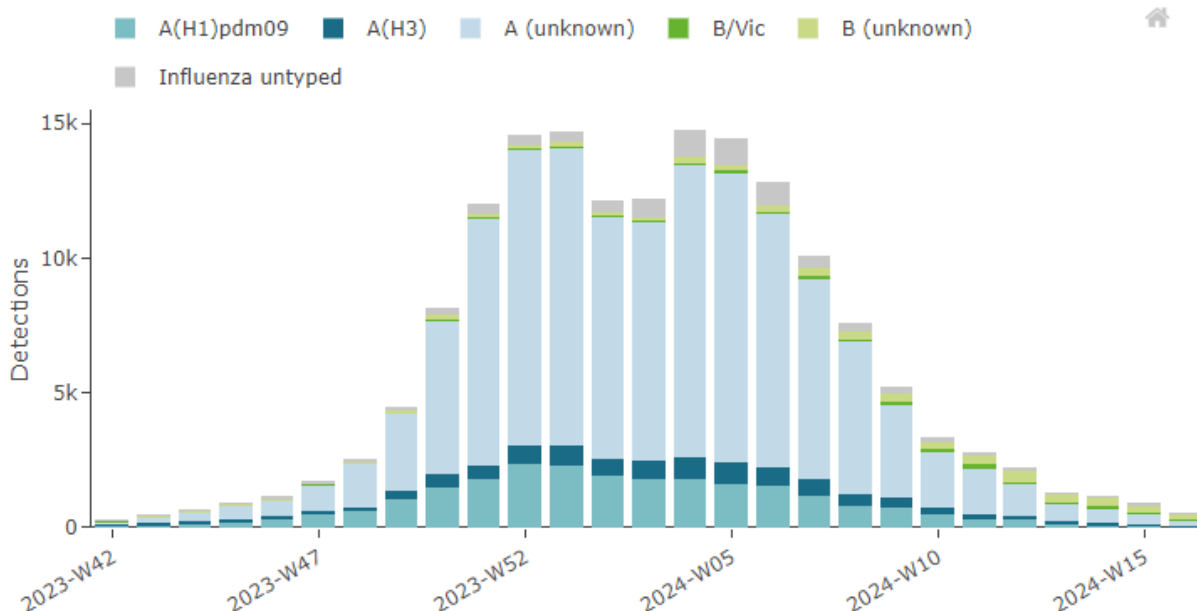
La circolazione del **SARS-CoV-2** e del **RSV** rimane a bassi livelli nella maggior parte dei paesi.

Nella 16^a settimana del 2024, vengono riportati i dati relativi a **534** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

- 293 (55%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 66 virus sottotipizzati, 43 (65%) sono risultati A(H1)pdm09 e 23 (35%) A(H3).
- 241 (45%) virus sono risultati appartenere al tipo B, 22 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

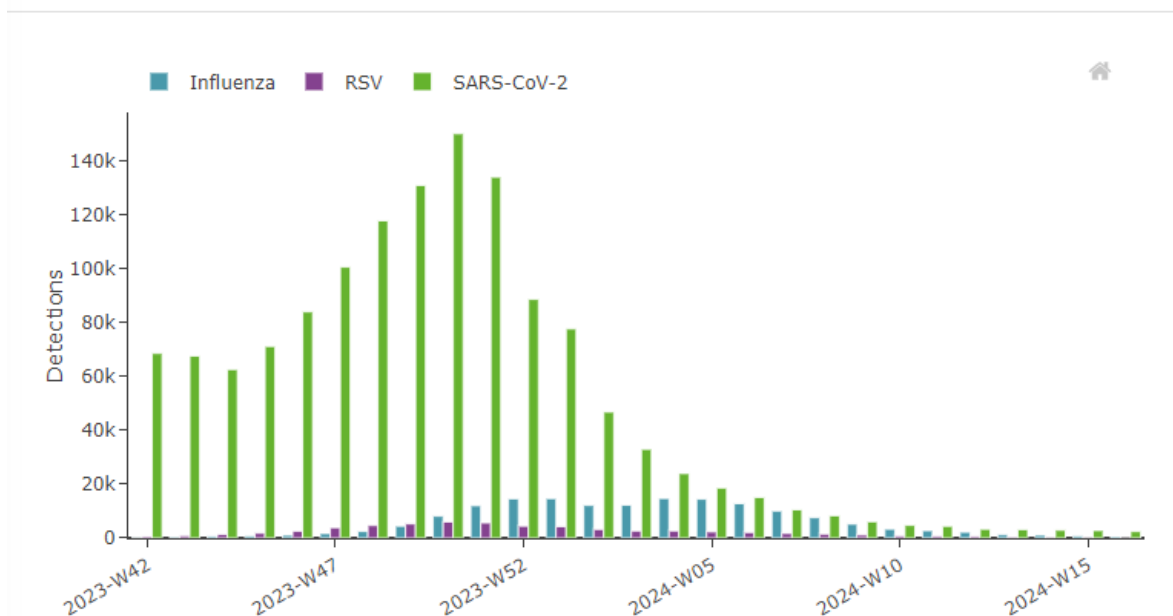
Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana (European Respiratory Virus Surveillance Summary-ERVISS), stagione 2023/2024

Aggregate weekly detections



Andamento settimanale delle identificazioni di campioni positivi per Influenza, RSV e SARS-CoV-2 settimana (ERVISS), stagione 2023/2024

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 40/2023, sono stati finora caratterizzati geneticamente 4.307 ceppi di virus influenzale:

- 1.982/2.981 (67%) virus di tipo A, sottotipo H1N1pdm09 analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2a, rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021, e 952 (32%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1, rappresentato dal ceppo A/Victoria/4897/2022.
- 1.105/1.149 (96%) virus di tipo A, sottotipo H3N2 sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1, rappresentato dal ceppo A/Thailand/8/2022, 30 al sottogruppo 2a, rappresentato dal ceppo A/Darwin/9/2021, 10 al sottogruppo 2a.3a e uno al sottogruppo 2a.3b.
- 177/177 (100%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo 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.