

INFLUNews

Settimana 05-2025

(27 gennaio – 2 febbraio 2025)

Sorveglianza delle sindromi simil-influenzali in Lombardia

Proseguono le attività di sorveglianza delle sindromi simil-influenzali della nuova rete **RespiVirNet** (<https://respivirnet.iss.it/>), coordinata dal Ministero della Salute, che si avvale della collaborazione dell'Istituto Superiore di Sanità (ISS), dei medici di medicina generale e pediatri di famiglia, dei laboratori di riferimento per l'influenza e degli Assessorati regionali alla Sanità. Poiché la sintomatologia riferibile ad infezione da virus influenzali è paragonabile a quella causata da altri virus respiratori, la rete RespiVirNet si pone l'obiettivo di effettuare, sullo stesso tampone, la ricerca dei virus influenzali, SARS-CoV-2, virus respiratorio sinciziale (RSV), metapneumovirus, coronavirus umani non-SARS, virus parainfluenzali, adenovirus, rhinovirus ed enterovirus.

I risultati della sorveglianza delle sindromi simil-influenzali a livello regionale sono rielaborati ogni settimana dal laboratorio di riferimento regionale della rete RespiVirNet (Dipartimento di Scienze Biomediche per la Salute, Università degli studi di Milano, responsabile prof.ssa Elena Pariani) e sono illustrati nel seguente documento.

Sorveglianza epidemiologica delle sindromi simil-influenzali

- Nella settimana 05-2025, 298 medici sentinella hanno inviato dati circa la frequenza di sindromi influenzali tra i propri assistiti.
- L'incidenza totale delle sindromi simil-influenzali ha raggiunto un valore di **17,8 casi per 1000 assistiti**, livello di intensità molto alta (Figura 1).
- L'incidenza è pari a 39,3‰ nella fascia d'età 0-4 anni, 21‰ nella fascia 5-14 anni, 17,6‰ nella fascia d'età 15-64 anni e 8‰ negli over-65enni (Figura 2).
- Il numero di casi stimati di ILI in Lombardia in questa settimana è circa 164.000.

Sorveglianza virologica delle sindromi simil-influenzali

- Nella settimana 05-2025, i medici sentinella della regione Lombardia hanno inviato 147 tamponi naso-faringei, di questi quasi la metà (49%) è risultata positiva per virus influenzale: il 52% dei quali sono virus influenzali di tipo B (in aumento), il 33% virus A(H1N1)pdm09 e il 15% A(H3N2) (Figura 3). [Per un approfondimento delle caratteristiche dei virus influenzali identificati nella stagione 2024-2025 si veda pag. 12 di questo report.]
- L'indagine molecolare estesa agli altri virus respiratori ha mostrato la presenza di rhinovirus nel 9,5% dei tamponi analizzati, di RSV nell'8%, di adenovirus nel 3%, di metapneumovirus ed enterovirus nel 2%, di SARS-CoV-2 nell'1,5%, di virus parainfluenzaali nell'1% (Figura 4 e 5).
- Le percentuali di positività per virus per settimana sono mostrate nella Figura 6.

Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo italiano, si rimanda ai report settimanali di RespiVirNet: <https://respivirnet.iss.it/pagine/rapportoInflunet.aspx>

Per quanto riguarda i dati europei, si rimanda ai report settimanali di "European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS)": <http://www.erviss.org>.

Figura 1. Dati di morbosità di sindrome simil-influenzale in Lombardia stagione 2024-2025 (aggiornamento RespiVirNet del 06-02-2025). Per il calcolo delle soglie epidemiche è utilizzato il metodo Moving Epidemic Method (MEM) sviluppato dall'ECDC. Le soglie della stagione in corso per l'Italia sono: 3,16 casi per mille assistiti (livello basale), 9,37 (intensità bassa), 14,37 (intensità media), 17,36 (intensità alta), oltre 17,36 (intensità molto alta).

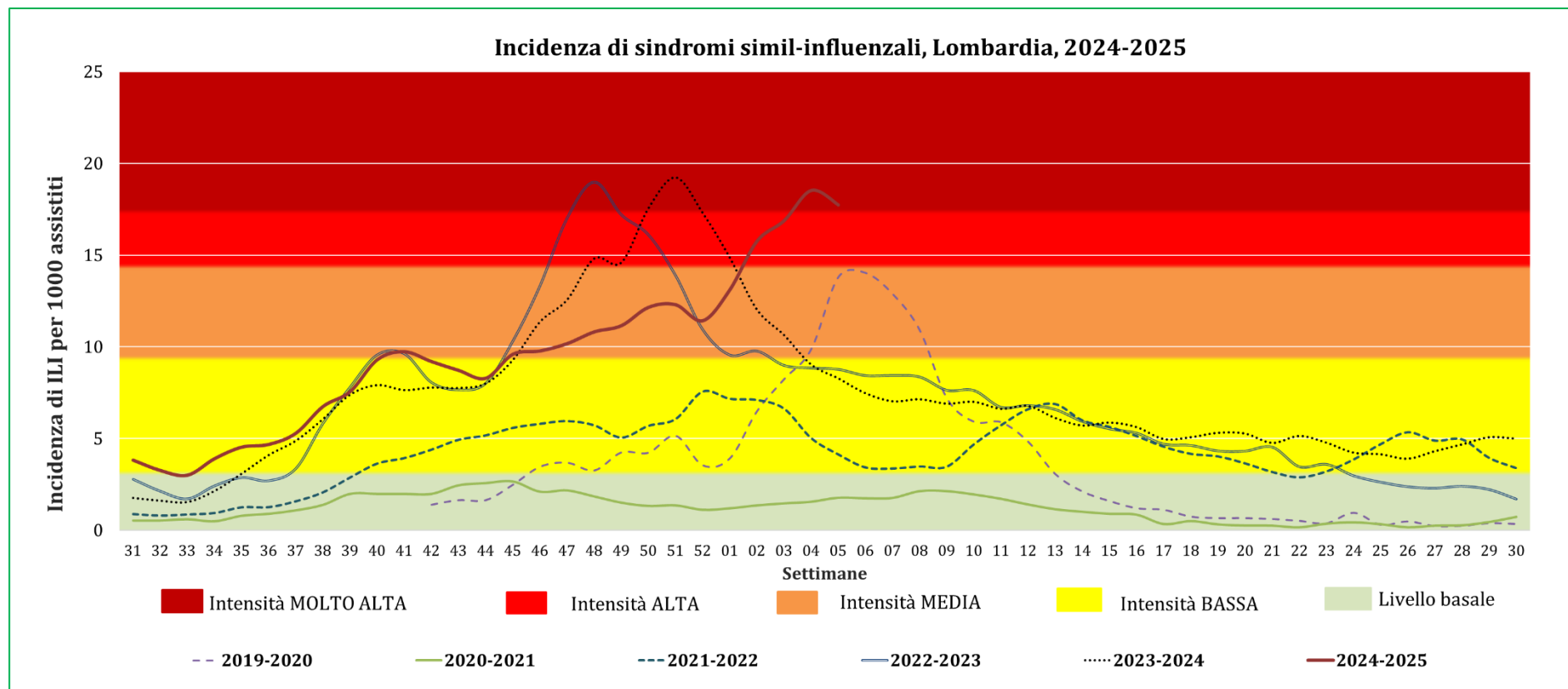


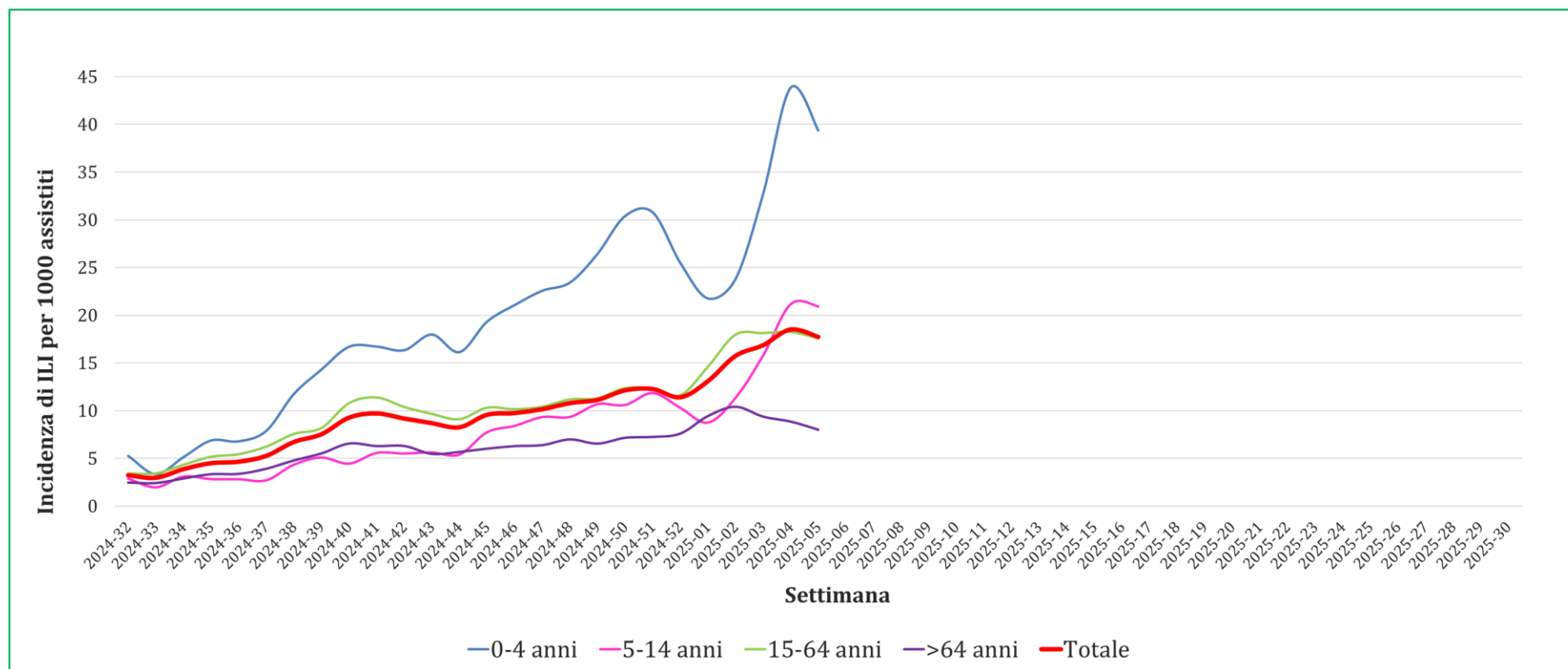
Figura 2. Dati di morbosità di sindrome simil-influenzale per classi di età in Lombardia, stagione 2024-2025 (aggiornamento RespiVirNet del 06-02-2025).

Figura 3. Numero di campioni respiratori inviati dai medici sentinella e numero di campioni positivi per virus influenzali, SARS-CoV-2 e virus respiratorio sinciziale (RSV) per settimana, Lombardia, stagione 2024-2025 (aggiornamento 06-02-2025). *Negativo: campione negativo per virus influenzali/SARS-CoV-2/RSV

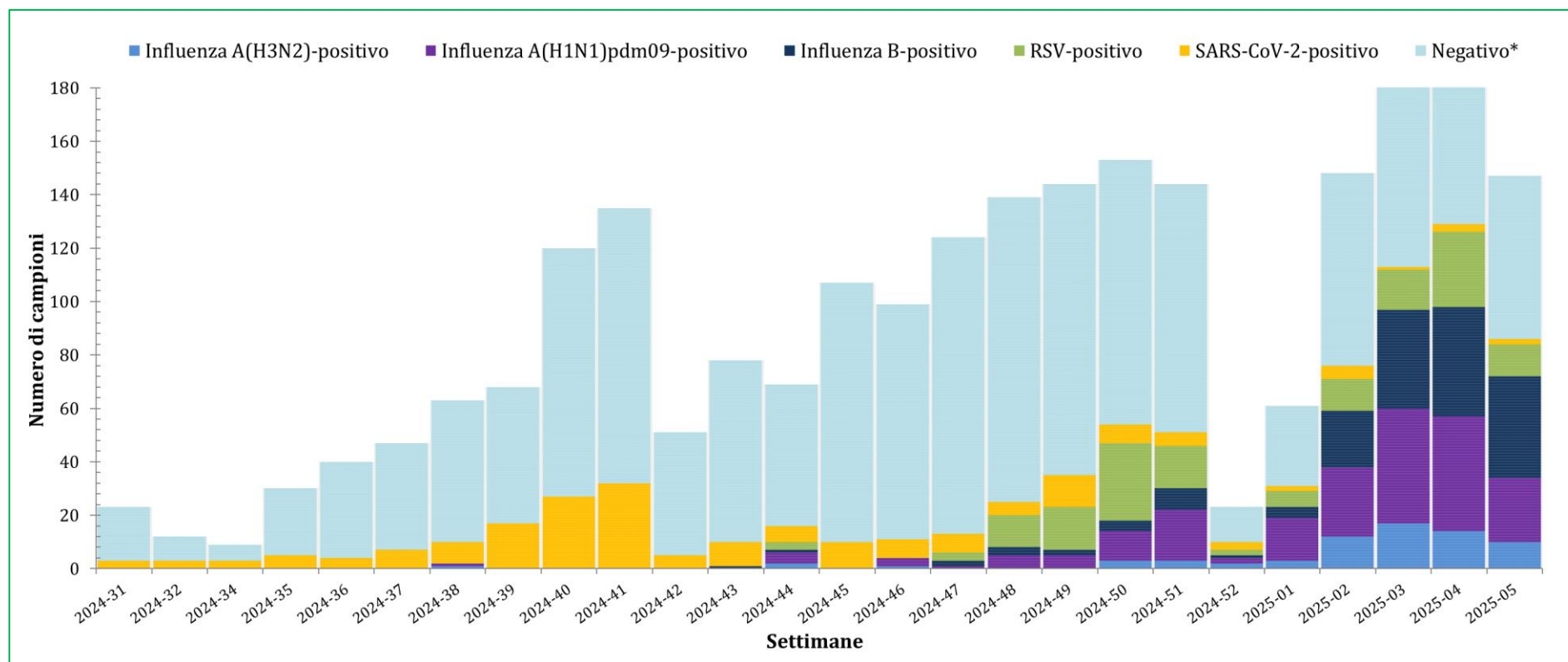


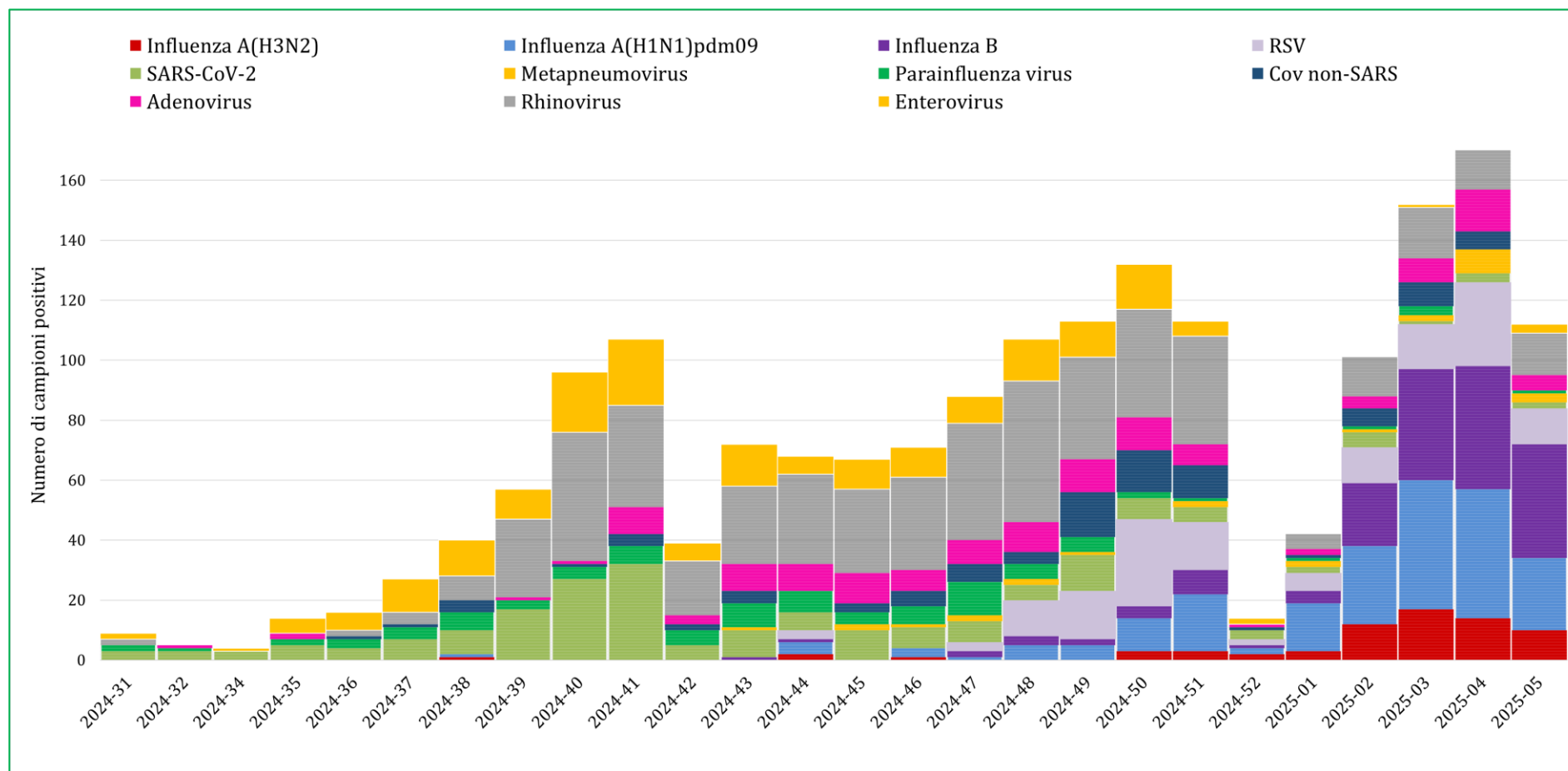
Figura 4. Numero di campioni positivi per virus per settimana, Lombardia, stagione 2024-2025 (aggiornamento 06-02-2025).

Figura 5. Percentuale di campioni risultati positivi per virus nella settimana 05-2025, Lombardia (aggiornamento 06-02-2025).

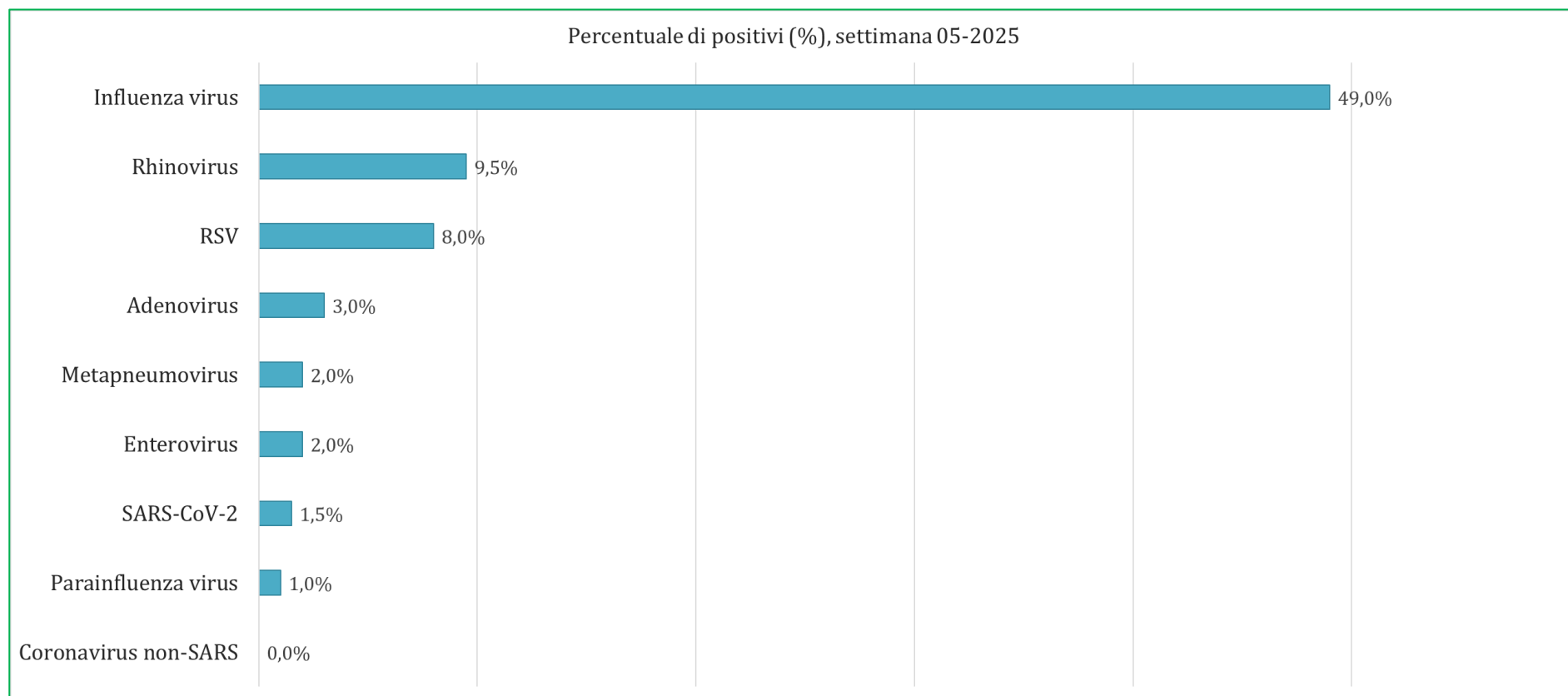
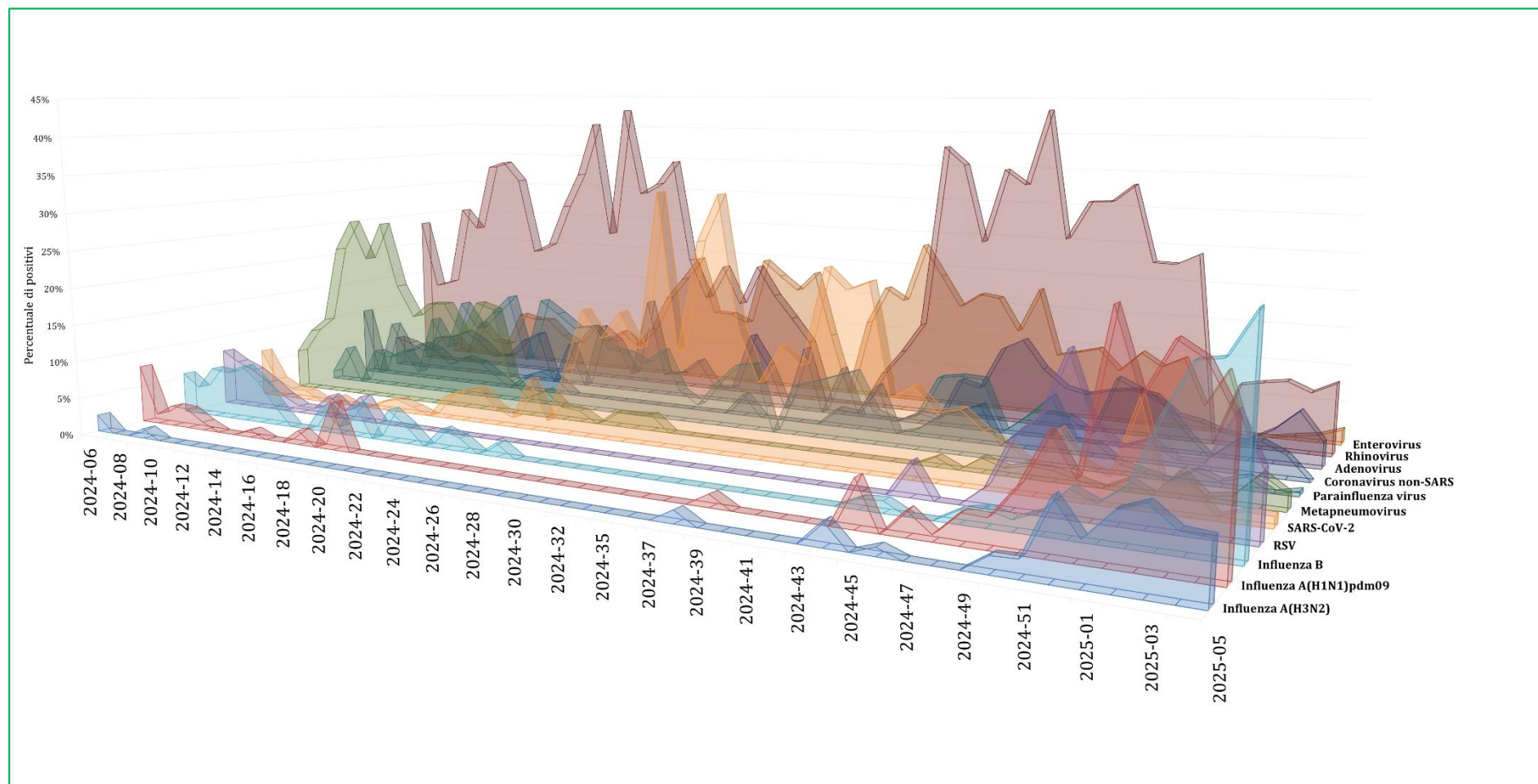


Figura 6. Percentuale di campioni positivi per settimana e per virus, Lombardia (aggiornamento 06-02-2025).



Sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie acute nei Pronto Soccorso in Lombardia

Il 4 ottobre 2023 è partita in Lombardia la sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie in risposta all'esigenza di monitoraggio e contenimento delle epidemie da virus respiratori. È stato attivato un campionamento mirato alla sorveglianza sanitaria degli individui che accedono presso le strutture di Pronto Soccorso (PS) di Regione Lombardia per sindromi respiratorie ed influenzali. I soggetti che accedono alle strutture di PS pubbliche e private sul territorio lombardo con sintomi influenzali e di infezione acuta delle vie respiratorie vengono sottoposti a tampone naso-faringeo. La dimensione campionaria è stata stabilita a 322 o 162 unità/settimana con una prevalenza presunta di malattia rispettivamente pari all'1% o al 2%. I campioni biologici sono quindi analizzati dai laboratori di riferimento mediante indagini molecolari per la ricerca dei virus influenzali, virus respiratorio sinciziale (RSV), metapneumovirus (MPV), SARS-CoV-2, coronavirus umani non-SARS, rhinovirus, enterovirus, virus parainflenzali e adenovirus. I risultati virologici della sorveglianza sono rielaborati settimanalmente e sono illustrati nel seguente documento.

Sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie acute

- Nella settimana 05-2025 sono stati analizzati 454 tamponi naso-faringei provenienti da altrettanti individui con accesso alle strutture di PS pubbliche e private sul territorio lombardo per sintomi influenzali e di infezione acuta delle vie respiratorie.
- L'indagine molecolare dei virus respiratori ha mostrato la presenza di virus influenzali nel 33,5% dei tamponi analizzati [principalmente virus A(H1N1)pdm09, seguiti da virus B e A(H3N2)], di rhinovirus nel 9%, di RSV nell'8%, di coronavirus non-SARS nel 4%, di metapneumovirus nel 3%, di SARS-CoV-2, adenovirus e rhinovirus/enterovirus nel 2%, di virus parainflenzali nell'1,5% (Figura 7 e 8).
- Nel 59% dei tamponi è stato identificato almeno uno dei virus indagati.
- Le percentuali di positività per virus e per settimana sono riportate nella Figura 9.
- Per un approfondimento delle caratteristiche dei virus influenzali identificati nella stagione 2024-2025 si veda pag. 12 di questo report.

Figura 7. Numero di campioni respiratori analizzati e numero di campioni positivi per virus per settimana, sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie nei PS, Lombardia (aggiornamento 06-02-2025).

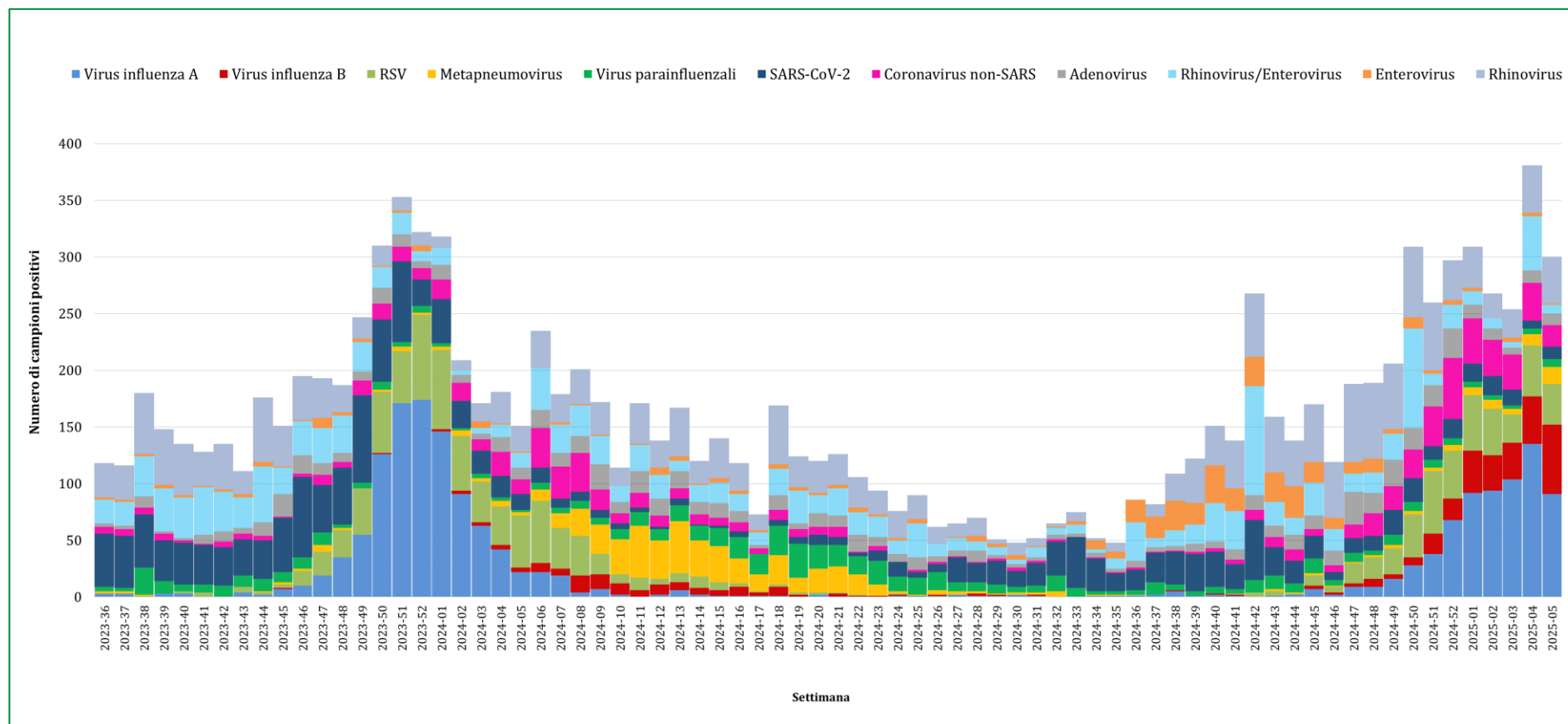


Figura 8. Percentuale di positività per virus nella settimana 05-2025, sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie nei PS, Lombardia (aggiornamento 06-02-2025).

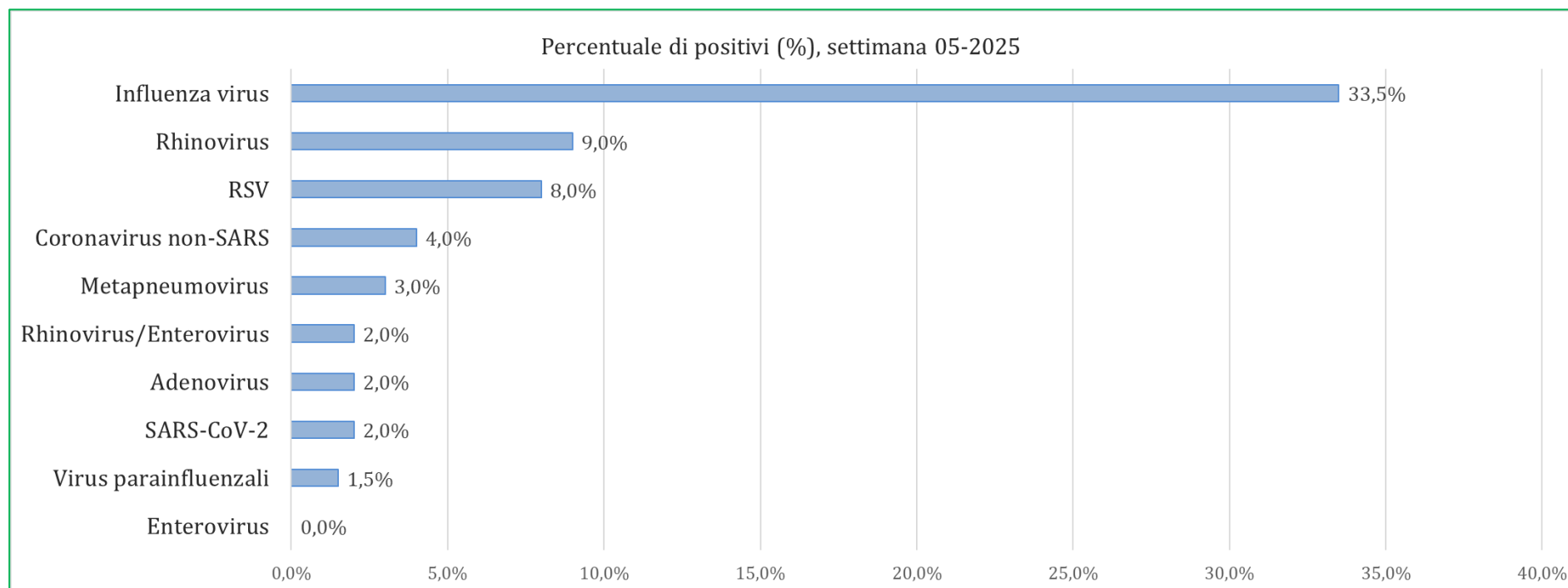
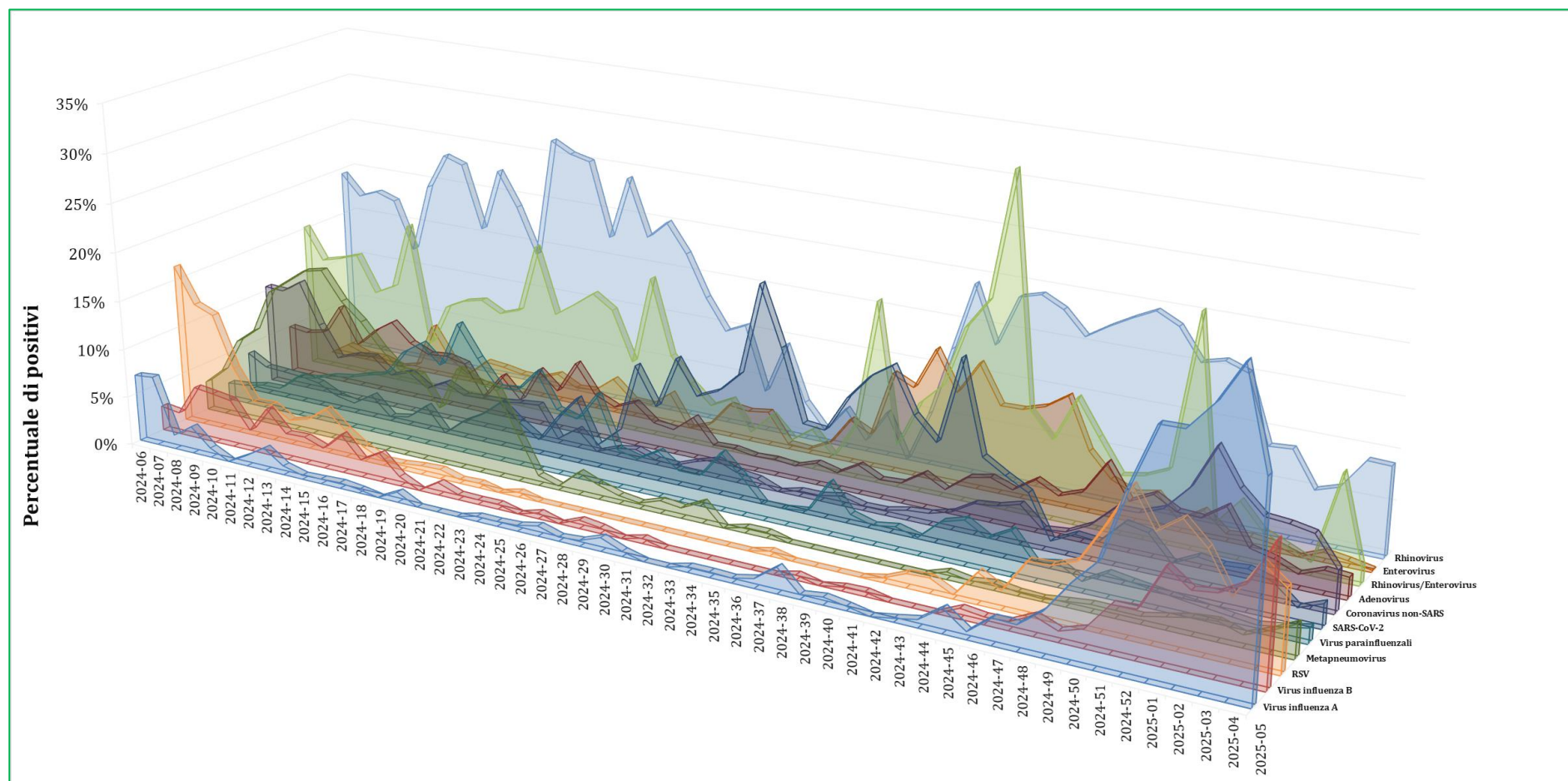


Figura 9. Percentuale di campioni positivi per settimana per virus, sorveglianza virologica delle infezioni respiratorie nei PS, Lombardia (aggiornamento 06-02-2025).



Analisi filogenetica dei virus influenzali identificati nella stagione 2024-2025

Per un sottogruppo di virus influenzali identificati durante la stagione 2024-2025 è stata condotta un'analisi filogenetica delle sequenze del gene codificante per la proteina di superficie emoagglutinina (HA). L'analisi viene condotta per tipo/sottotipo virale. Nell'analisi sono stati inclusi i virus influenzali identificati nell'ambito della sorveglianza RespiVirNet (indicati in verde nei rispettivi alberi filogenetici), della sorveglianza delle infezioni respiratorie acute nei Pronto Soccorso (indicati in rosso) e del monitoraggio delle forme gravi e complicate di influenza con ricovero in terapia intensiva (indicati in blu) identificati nella stagione 2024-2025.

Virus influenzali A(H1N1)pdm09

- La maggior parte dei virus fino ad ora analizzati appartiene al clade 6B.1A.5a.2a, cluster C.1, con alcuni ceppi virali inclusi nel sotto-clade 6B.1A.5a.2a.1, cluster C.1.1.1 ([Figura 10](#)).
- Complessivamente, le sequenze HA dei virus A/Milano(H1N1)pdm09 della stagione 2024-2025 sono simili (identità media: 98,0%; range: 97,6%-99,2%) al ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022(H1N1)pdm09 (clade 6B.1A.5a.2a.1).

Virus influenzali A(H3N2)

- Tutti i virus A/Milano(H3N2) sono inclusi nel clade 3C.2a1b.2a.2 e nel sub-clade 2a.3a.1, in particolare si raggruppano nel cluster J.2 ([Figura 11](#)).
- Complessivamente, le sequenze HA dei virus A/Milano(H3N2) della stagione 2024-2025 sono simili (identità media: 98,9%; range: 98,8%-99,1%) al ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022(H3N2) (sub-clade 2a.3a.1).

Virus influenzali B

- I virus B identificati appartengono tutti al lineaggio Victoria e al clade V1A.3a.2; la maggior parte appartiene al sub-clade C.5.1 ([Figura 12](#)).
- Complessivamente, le sequenze HA dei virus B/Milano(Victoria) della stagione 2024/2025 sono simili (identità media: 98,7%; range: 98,4%-98,9%) al ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021 (clade V1A.3a.2).

Farmaco-resistenza

- L'analisi delle sequenze dei geni neuroaminidasi (NA) e polimerasi acida (PA), target dei farmaci antivirali, non ha identificato ceppi virali con mutazioni in grado di conferire resistenza o ridotta suscettibilità agli inibitori della neuraminidasi (zanamivir e oseltamivir) e agli inibitori dell'endonucleasi PA (baloxavir).

Figura 10. Albero filogenetico ottenuto dall'analisi delle sequenze nucleotidiche del gene HA dei ceppi A/Milano(H1N1)pdm09 della sorveglianza RespiVirNet (in verde), della sorveglianza delle infezioni respiratorie acute nei Pronto Soccorso (in rosso) e del monitoraggio delle forme gravi e complicate di influenza con ricovero in terapia intensiva (in blu) nella stagione 2024/2025. In grassetto i ceppi inclusi nella composizione dei vaccini antinfluenzali: A/Victoria/4897/2022 (derivato da uova embrionate di pollo) e A/Wisconsin/67/2022 (derivato da colture cellulari).

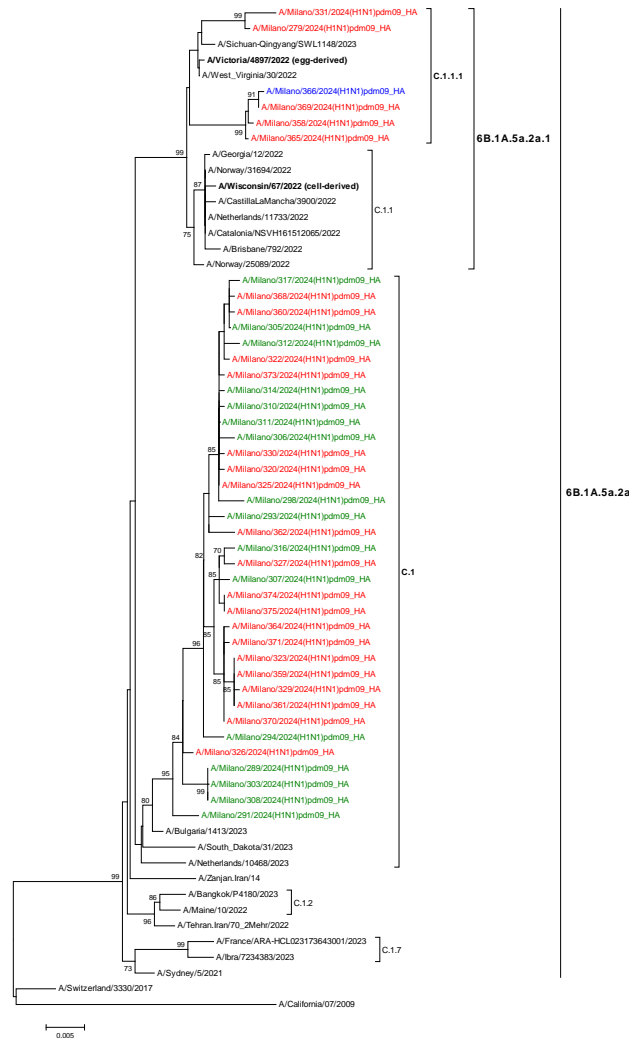


Figura 11. Albero filogenetico ottenuto dall'analisi delle sequenze nucleotidiche del gene HA dei ceppi A/Milano(H3N2) della sorveglianza RespiVirNet (in verde), della sorveglianza delle infezioni respiratorie acute nei Pronto Soccorso (in rosso) e del monitoraggio delle forme gravi e complicate di influenza con ricovero in terapia intensiva (in blu) nella stagione 2024-2025. In grassetto i ceppi inclusi nella composizione dei vaccini antinfluenzali: A/Thailand/8/2022 (derivato da uova embrionate di pollo) e A/Massachusetts/18/2022 (derivato da colture cellulari).

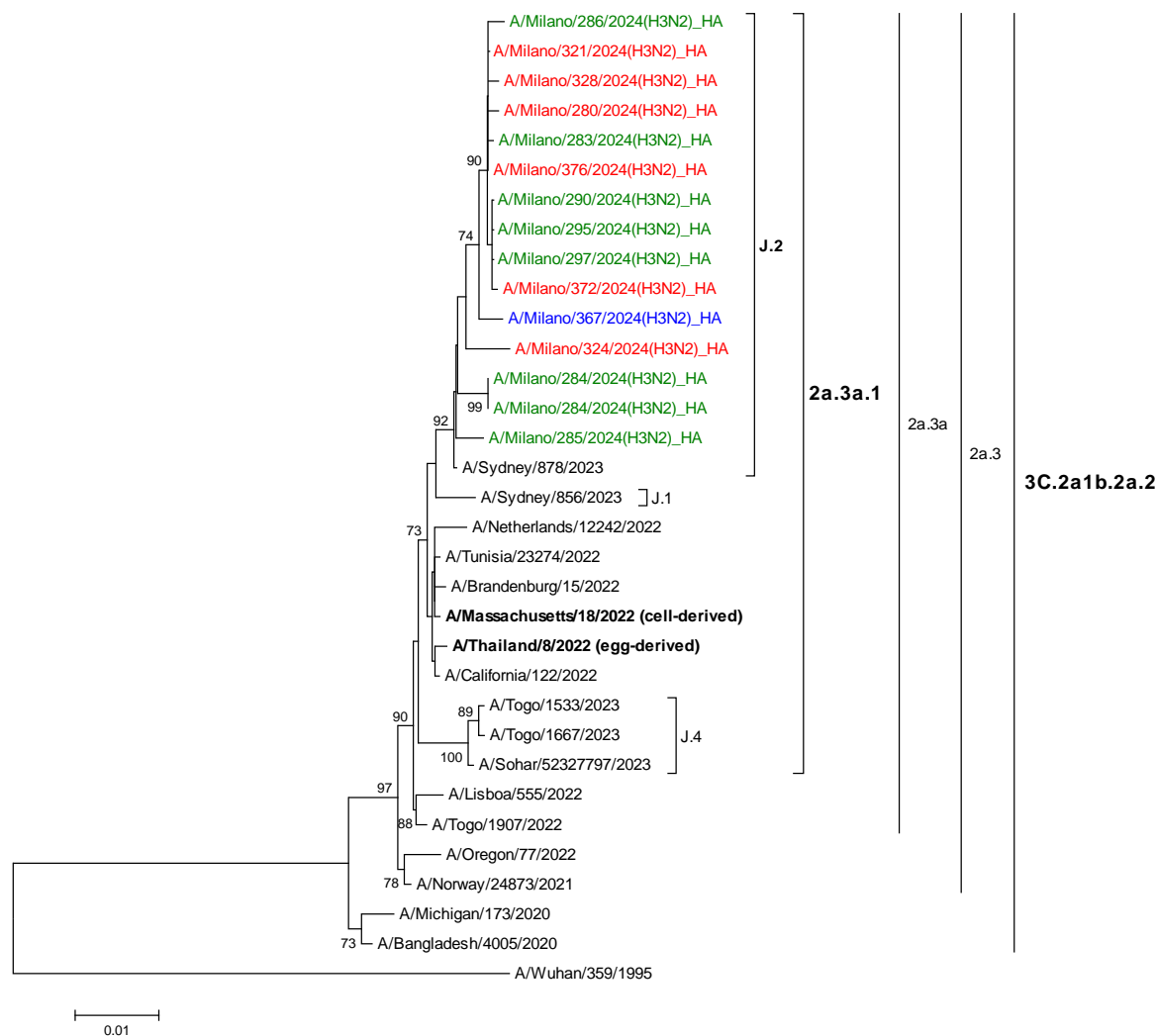


Figura 12. Albero filogenetico ottenuto dall'analisi delle sequenze nucleotidiche del gene HA dei ceppi B/Milano(Victoria) della sorveglianza RespiVirNet (in verde) e della sorveglianza delle infezioni respiratorie acute nei Pronto Soccorso (in rosso) nella stagione 2024-2025. In grassetto i ceppi inclusi nella composizione dei vaccini antinfluenzali: B/Austria/1359417/2021 (derivato da uova embrionate di pollo e da colture cellulari).

