



NIC - DMI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 24 del 5 maggio 2023

### Dati relativi alla SETTIMANA 17/2023

**CENTRO NAZIONALE OMS PER L'INFLUENZA / NIC**

*Dipartimento di Malattie Infettive*

---

*Il presente rapporto riporta i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 17/2023 (24 - 30 aprile 2023), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica dell'influenza. I dati sono elaborati dal Centro Nazionale OMS per l'influenza presso il Dipartimento Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità (NIC/ISS).*

---



Con questa settimana si conclude il periodo di sorveglianza virologica per l'influenza relativo alla stagione 2022-2023, come previsto dal Protocollo operativo Influenza & 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 nel nostro Paese, contribuendo in maniera significativa alle decisioni prese in ambito internazionale riguardo la nuova composizione vaccinale per la stagione 2023-2024.

In particolare:

**Laboratori Periferici partecipanti:**

Azienda Sanitaria dell'Alto Adige – Comprensorio Sanitario di Bolzano (Elisabetta Pagani)  
Azienda Ospedaliera “Umberto Parini” di Aosta (Massimo Di Benedetto)  
Università degli Studi di Trieste (Pierlanfranco D'Agaro)  
Ospedale “Amedeo di Savoia” - Torino (Valeria Ghisetti)  
Università degli Studi di Milano (Elena Pariani)  
IRCCS “San Matteo” di Pavia (Fausto Baldanti)  
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)  
Università degli Studi di Perugia (Barbara Camilloni)  
Università Politecnica delle Marche Ancona (Stefano Menzo)  
Presidio Ospedaliero “Santo Spirito” di Pescara (Paolo Fazio)  
Università Cattolica del Sacro Cuore – Roma (Maurizio Sanguinetti)  
Università degli Studi di Sassari (Caterina Serra)  
UOC Igiene Policlinico di Bari (Maria Chironna)  
Università degli Studi di Palermo (Francesco Vitale)  
Azienda Ospedaliera dei Colli Monaldi-Cotugno – Napoli (Luigi Atripaldi)  
Azienda Ospedaliera “Annunziata” – Cosenza (Francesca Greco)  
Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana – Pisa (Maria Linda Vatteroni)  
Azienda Ospedaliera “A. Cardarelli” di Campobasso (Massimiliano Scutellà)  
Azienda Ospedaliera “San Carlo” di Potenza (Antonio Picerno)

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  
Angela Di Martino  
Laura Calzoletti  
Concetta Fabiani

**CCM – Ministero della Salute**

Francesco Maraglino  
Anna Caraglia

### In evidenza

- Nel complesso, dall'inizio della stagione, 6.325 campioni clinici sono risultati positivi al virus influenzale. Di questi, 5.030 sono risultati di tipo A (79,5%) e 1.295 di tipo B (20,5%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato predominante. Tutti i virus B finora caratterizzati sono risultati appartenere al lineage Victoria.
- In quest'ultimo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) di virus influenzali A(H3N2) e A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia nella stagione 2022/2023 (Figura 5 e 6).

## ITALIA

Durante la settimana 17/2023 sono stati segnalati, attraverso il portale InfluenzaNet, **553** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete InfluenzaNet e, tra i **529** analizzati, **23 (4,3%)** sono risultati **positivi al virus influenzale**. In particolare, 11 sono risultati di tipo **A** (1 di sottotipo **H3N2**, 8 **H1N1pdm09** e 2 non ancora sottotipizzati) e 12 di tipo **B**.

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 8 (**1,5%**) sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, mentre 101 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 34 (6,4%) Rhinovirus, 34 (6,4%) Adenovirus, 24 (4,5%) virus Parainfluenzali, 5 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e 4 Metapneumovirus.

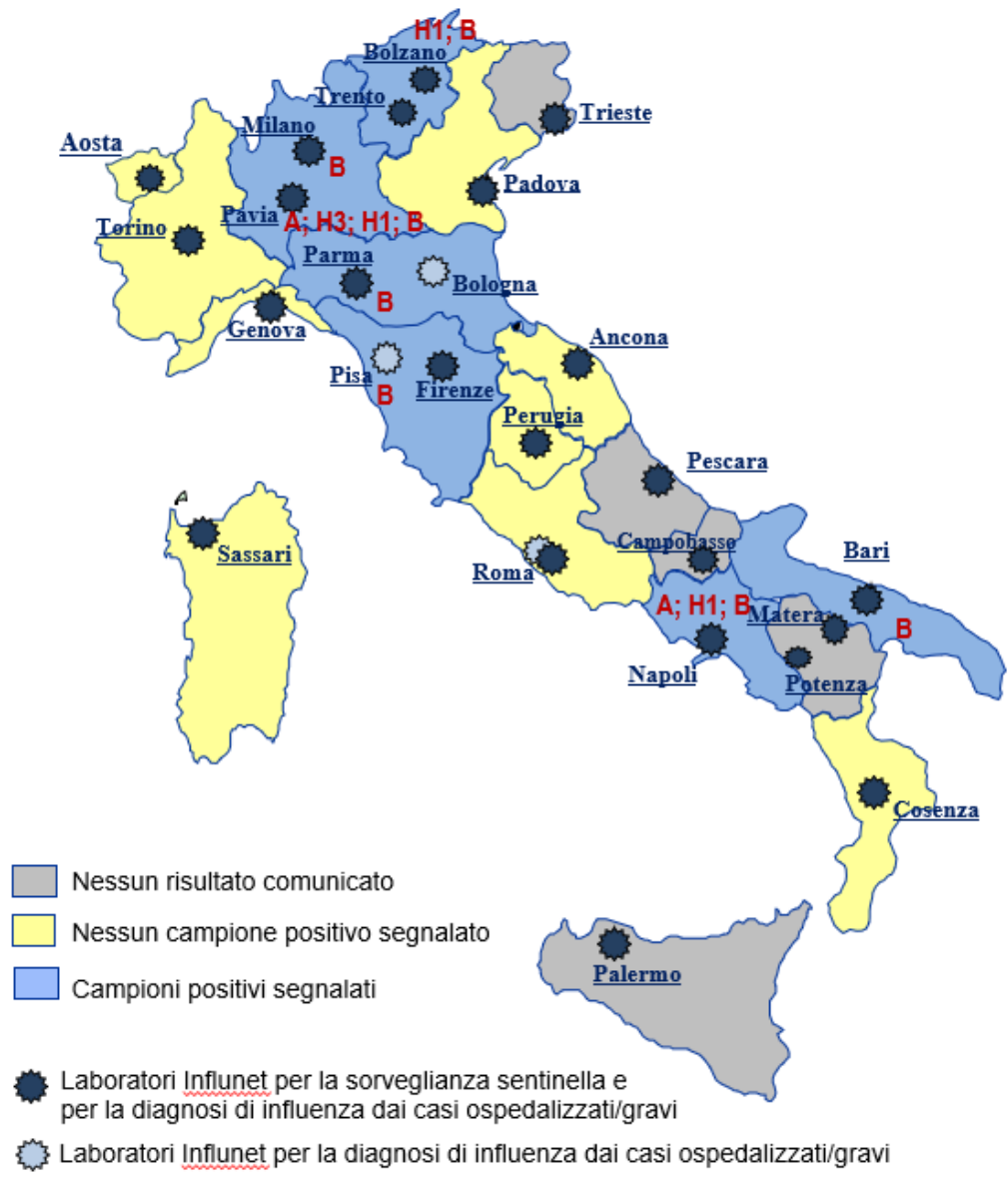
Nel complesso, dall'inizio della stagione fino alla settimana 17/2023, su un totale di 28.977 campioni clinici raccolti dai diversi laboratori, **6.325 (21,8%)** sono risultati positivi al virus influenzale, di cui 5.030 di **tipo A (79,5%)** e 1.295 di **tipo B (20,5%)**. Nell'ambito dei virus A, 3.961 sono risultati H3N2 (78,7%) e 730 H1N1pdm09 (14,5%), mentre 339 non sono stati ancora sottotipizzati. Tra i virus B, tutti i 653 ceppi per i quali è stato caratterizzato il lineage (50,4%) sono risultati B/Victoria. Tra i suddetti campioni finora analizzati, 1.824 (6,3%) sono risultati positivi al **SARS-CoV-2** e 6.338 (21,9%) ad altri virus respiratori, per la maggior parte **RSV (11%)**.

In Tabella 1 sono elencati i laboratori che hanno comunicato i dati riguardanti le indagini di laboratorio ed in Figura 1 vengono riportate le positività al virus influenzale in Italia, relativamente alla 17<sup>a</sup> settimana del 2023. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2022-17/2023). Nelle Figure 2 e 3 viene riportato l'andamento settimanale dei campioni positivi al virus influenzale e la relativa distribuzione per tipo/sottotipo, nella stagione in corso, mentre in Figura 4 viene riportato l'andamento settimanale dei campioni positivi ad altri virus respiratori.

**Tabella 1** Laboratori regionali InfluenzaNet che hanno comunicato i dati nella 17<sup>a</sup> settimana del 2023

Città	Laboratorio	Referente
<b>ANCONA</b>	UNIVERSITA'	S.Menzo
<b>AOSTA</b>	AO "Umberto Parini"	M. Di Benedetto
<b>BARI</b>	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
<b>BOLZANO</b>	AS Alto Adige	E. Pagani
<b>COSENZA</b>	AO "Annunziata"	F. Greco
<b>FIRENZE</b>	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
<b>GENOVA</b>	UNIVERSITA'	G. Icardi
<b>MILANO</b>	UNIVERSITA'	E. Pariani
<b>NAPOLI</b>	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	L. Atripaldi
<b>PADOVA</b>	UNIVERSITA'	A. Dei Tos
<b>PARMA</b>	UNIVERSITA'	P. Affanni, M.E. Colucci
<b>PAVIA</b>	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
<b>PERUGIA</b>	UNIVERSITA'	B. Camilloni
<b>PISA</b>	AO Universitaria Pisana	M. L. Vatteroni
<b>ROMA</b>	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
<b>SASSARI</b>	UNIVERSITA'	C. Serra
<b>TORINO</b>	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti

**Figura 1** Laboratori regionali Influnet che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 17<sup>a</sup> settimana del 2023



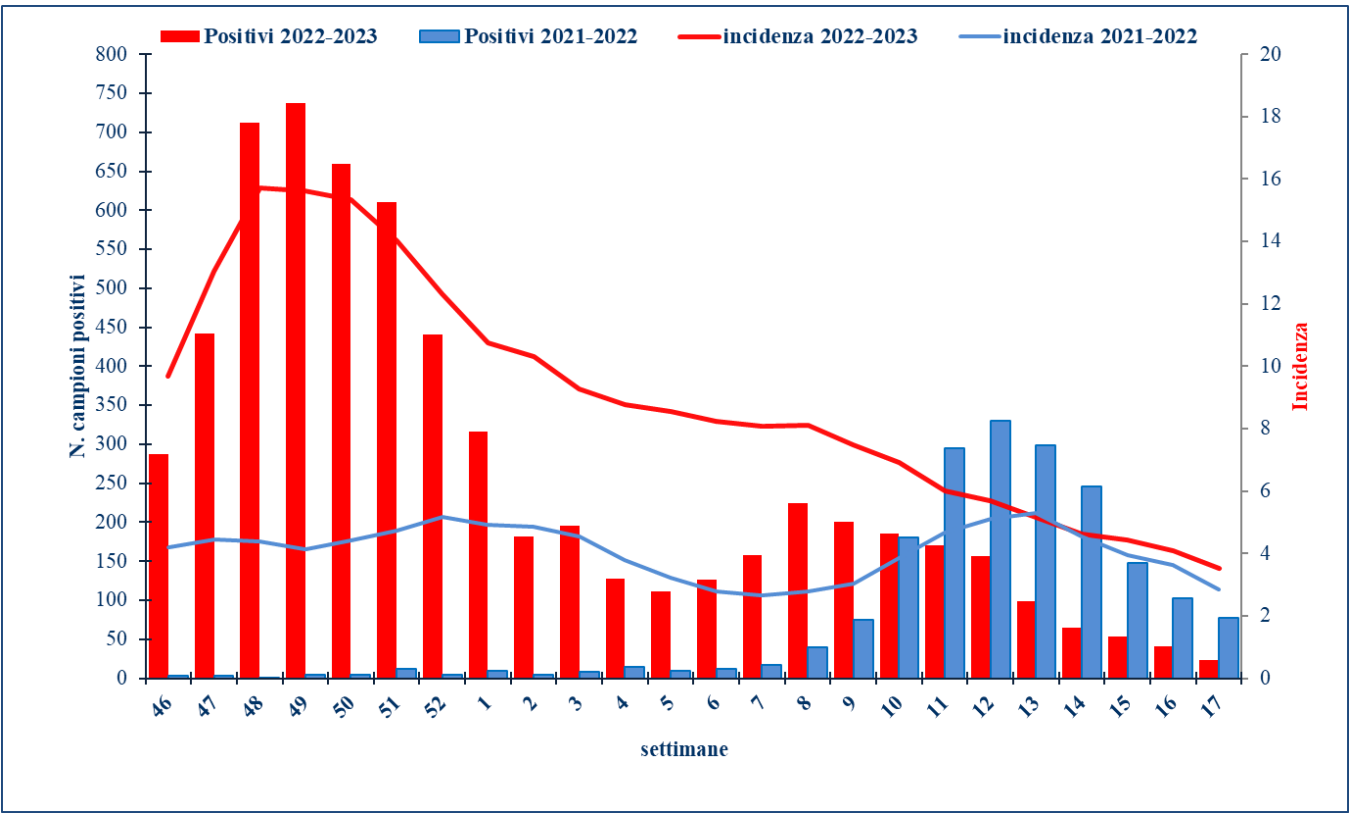
**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2022)

	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>	285	441	711	729	648	603	429	299	163	153	83	61	58	62	67	41	48	41	40	17	20	12	8	11	5.030
A	12	14	38	44	27	54	37	23	20	17	9	4	5	3	4	1	5	12	3	1	2	2	0	2	339
A(H3N2)	259	421	642	650	588	508	338	236	92	91	41	27	17	11	17	8	7	3	2	1	0	1	0	1	3.961
A(H1N1) pdm2009	14	6	31	35	33	41	54	40	51	45	33	30	36	48	46	32	36	26	35	15	18	9	8	8	730
<b>FLU B</b>	2	1	1	9	12	8	12	17	19	43	44	50	68	96	158	159	137	129	116	82	45	42	33	12	1.295
<b>TOT POSITIVI</b>	287	442	712	738	660	611	441	316	182	196	127	111	126	158	225	200	185	170	156	99	65	54	41	23	6.325*

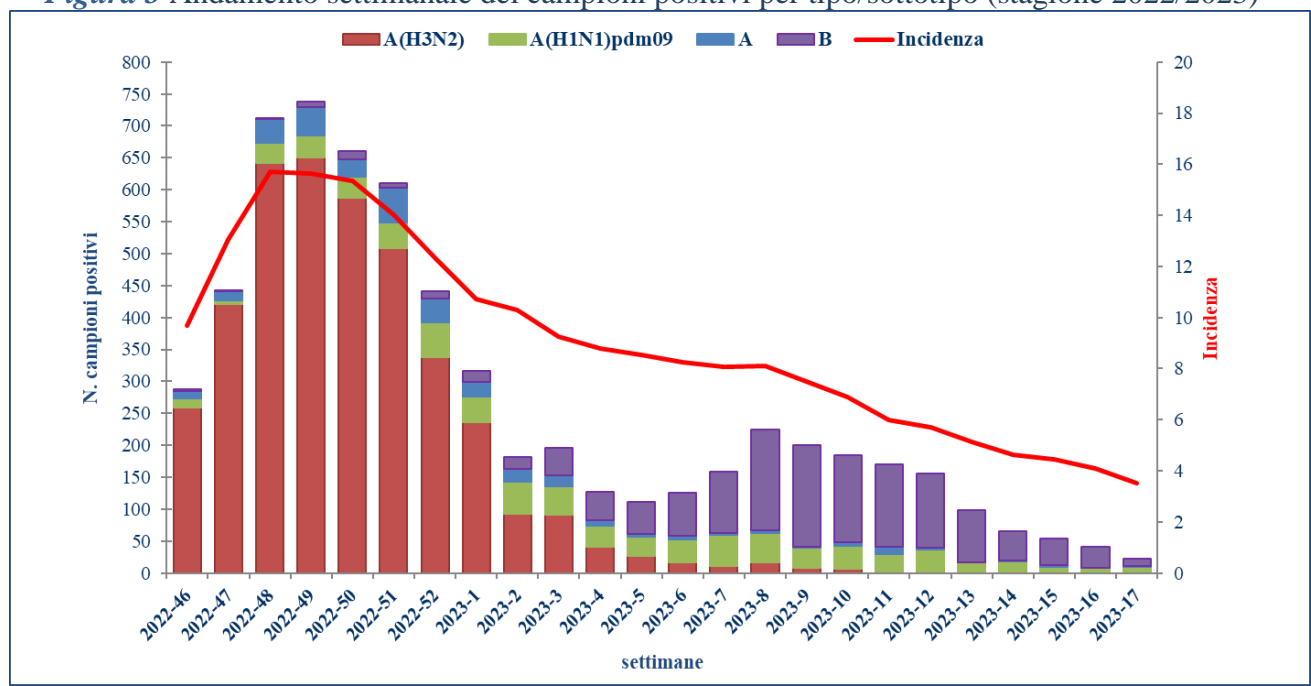
\*Su un totale di 28.977 campioni clinici pervenuti in laboratorio

*N.B. Le apparenti discrepanze rispetto alla tabella della settimana scorsa sono dovute agli aggiornamenti conseguenti ad approfondimenti nelle analisi diagnostiche (tipo/sottotipo)*

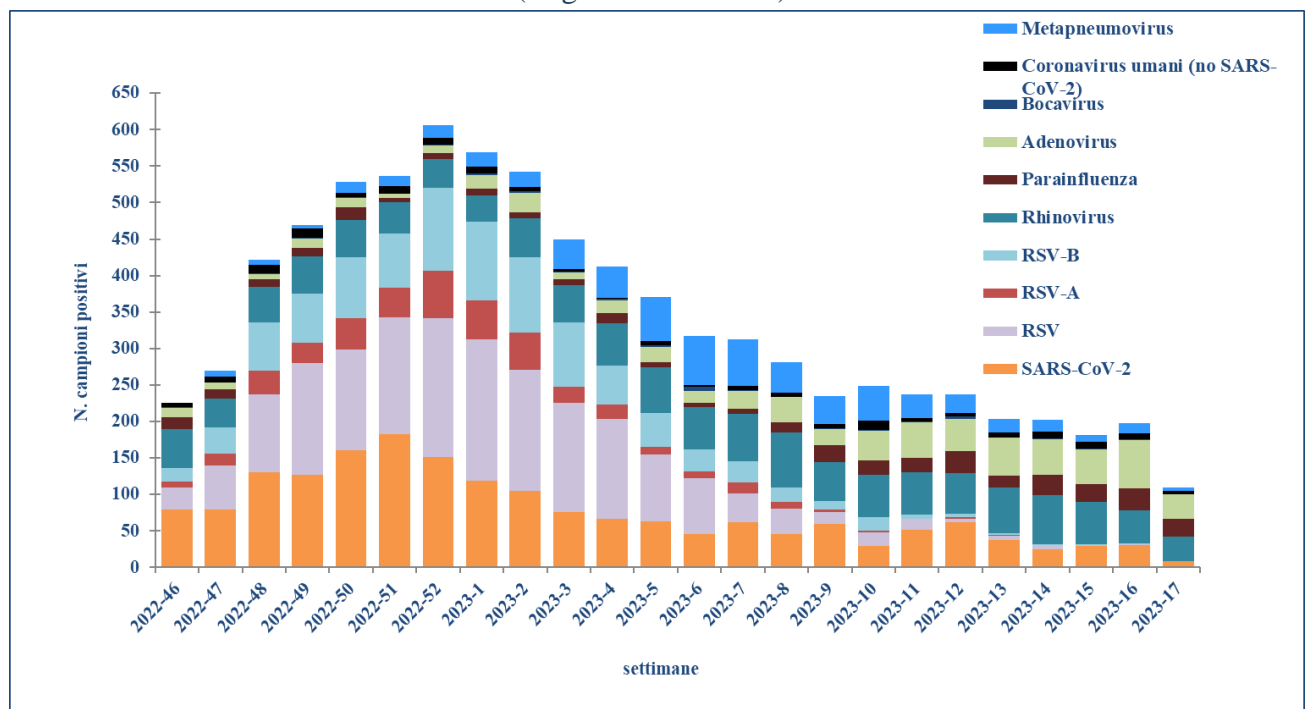
**Figura 2** Andamento settimanale dei campioni positivi al virus influenzale della presente stagione rispetto alla stagione 2021/2022



**Figura 3** Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2022/2023)



**Figura 4** Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad altri virus respiratori (stagione 2022/2023)



## CARATTERISTICHE MOLECOLARI ED ANALISI FILOGENETICA DEI CEPPI INFLUENZALI CIRCOLANTI IN ITALIA NELLA STAGIONE 2022/2023

La stagione influenzale 2022/2023 è stata caratterizzata in Italia da un avvio anticipato e da una sostenuta co-circolazione di virus influenzali A(H3N2), A(H1N1)pdm09 e B, in particolare appartenenti al lineaggio Victoria. I virus di tipo A sono risultati, nel complesso, prevalenti (79,5% dei campioni risultati positivi all'influenza), rispetto ai virus di tipo B (20,5%). Nell'ambito dei virus A finora sottotipizzati, l'84% è risultato appartenere al sottotipo H3N2 e il 16% al sottotipo H1N1pdm09.

Per quanto riguarda i virus influenzali **A(H3N2)**, le analisi filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei ceppi identificati in Italia nella suddetta stagione (Figura 5), evidenziano l'appartenenza di tutti i suddetti ceppi al *sub-clade* **3C.2a1b.2a.2** (sottogruppo genetico a cui appartengono anche i ceppi vaccinali A/Darwin/6/2021 e A/Darwin/9/2021), definito dalle sostituzioni aminoacidiche Y159N, T160I, L164Q, G186D, D190N, F193S and Y195F (Figura 5). La maggior parte dei virus caratterizzati è risultato geneticamente correlato al virus A/Bangladesh/4005/2020 (*sub-clade* **3C.2a1b.2a.2**) mentre altri virus, in proporzione minore, sono risultati maggiormente correlati al ceppo di riferimento A/Slovenia/8720/2022, con sostituzioni aminoacidiche aggiuntive nella HA1 (D53G, D104G, I140K, K276R, R299K), che definiscono il *sub-clade* **3C.2a1b.2a.2a.1b**.

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei virus influenzali **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia (Figura 6), hanno evidenziato l'appartenenza di tutti i ceppi analizzati al *sub-clade* **6B.1A.5a.2**, definito dalle sostituzioni aminoacidiche K130N, N156K, L161I e V250A nella porzione HA1 della HA, come i ceppi vaccinali di riferimento per la stagione 2022/2023 A/Victoria/2570/2019 e A/Wisconsin/588/2019. Rispetto a questi ultimi ceppi vaccinali, i virus finora analizzati risultano caratterizzati dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K e K308R in HA1 (*sub-clade* **6B.1A.5a.2a**). Una parte di questi virus presenta ulteriori sostituzioni

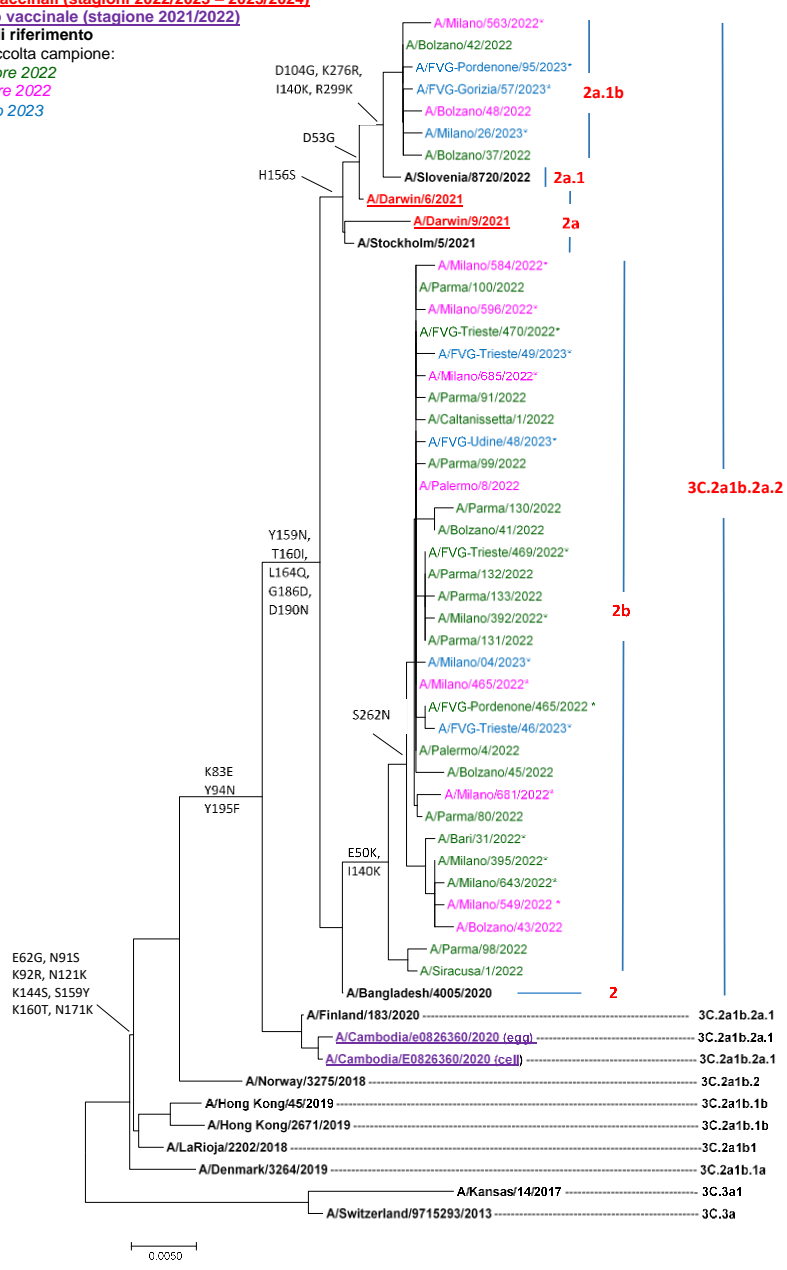


(P137S, K142R, D260E, T277A e N451H (ceppo di riferimento: A/Norway/25089/2022), che definiscono il *sub-clade* **6B.1A.5a.2a.1** in cui si raggruppano i nuovi ceppi vaccinali per la stagione 2023/2024: A/Victoria/4897/2022 e A/Wisconsin/67/2022.

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei virus influenzali **B** circolanti in Italia (vedi Figura 5 del *Rapporto N. 22 del 21 aprile 2023*), ne hanno confermato l'appartenenza al lineaggio **Victoria** ed in particolare al *sub-clade* **V1A.3a.2** definito dalle sostituzioni aminoacidiche A127T, P144L e K203R nella porzione HA1 (sottogruppo genetico a cui appartiene il ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021). All'interno dello stesso *sub-clade* è stata, inoltre, osservata la presenza di ulteriori *clusters* definiti da cambiamenti aminoacidici aggiuntivi, non presenti nella HA del suddetto ceppo vaccinale, quali ad esempio: i) T182A e D197E; ii) E128K, A154E e S208P; iii) R80G e E184K; iv) E183K.

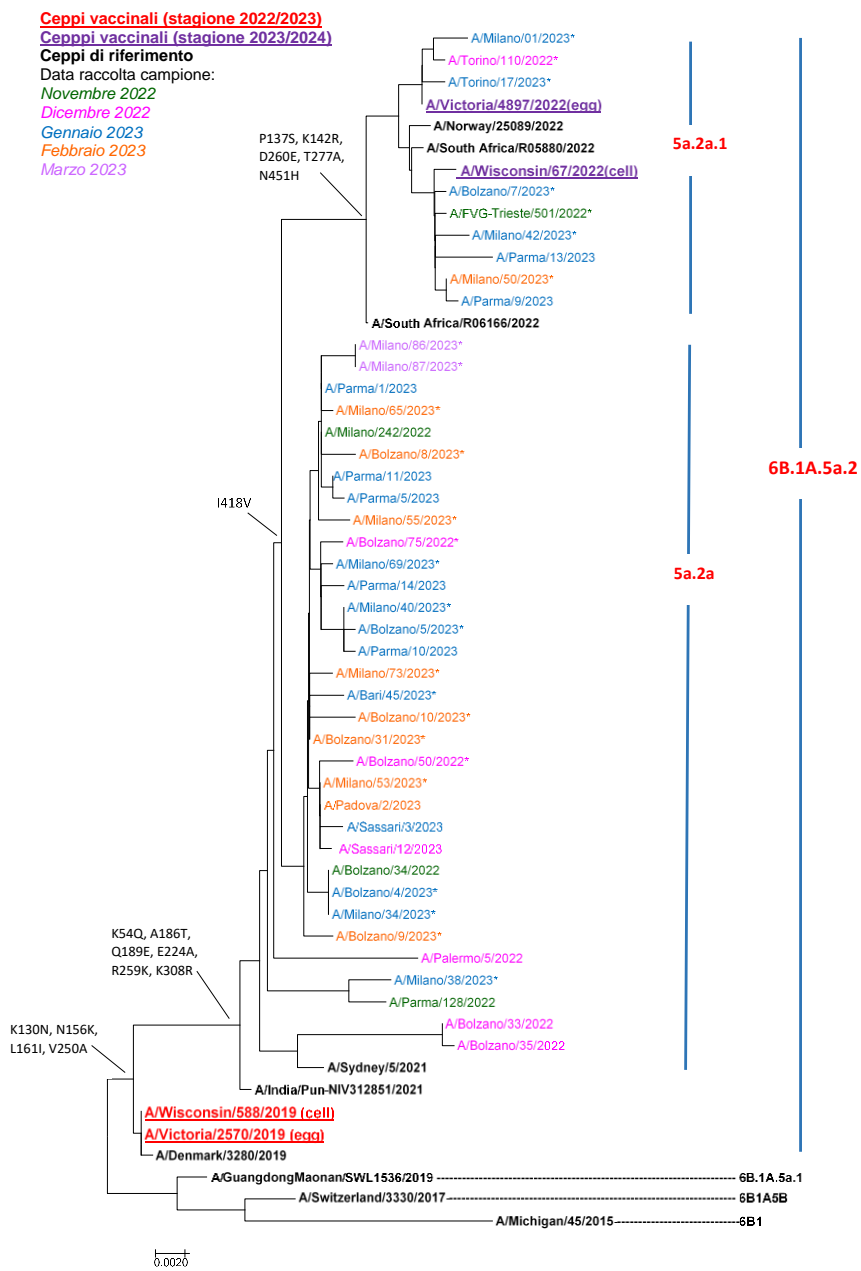
**Figura 5.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus influenzali A(H3N2) isolati in Italia durante la stagione 2022/2023 (analisi effettuate presso il NIC-ISS).

**Ceppi vaccinali (stagioni 2022/2023 – 2023/2024)**  
**Ceppo vaccinale (stagione 2021/2022)**  
**Ceppi di riferimento**  
 Data raccolta campione:  
 Novembre 2022  
 Dicembre 2022  
 Gennaio 2023



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

**Figura 6.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus influenzali A(H1N1)pdm09 isolati in Italia durante la stagione 2022/2023 (analisi effettuate presso il NIC-ISS).



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

## ANALISI DELLA FARMACO-SUSCETTIBILITA' DI VIRUS INFLUENZALI ISOLATI IN ITALIA NELLA STAGIONE 2022/2023

Nell'ambito della stagione 2022/2023, il NIC ha condotto attività di monitoraggio della farmaco-suscettibilità dei virus influenzali circolanti sul territorio nazionale.

Ad oggi, tra i virus pervenuti al NIC, un totale di 161 ceppi isolati in Italia (74 A/H3N2, 40 A/H1N1pdm09 e 47 B) sono stati saggiati per la suscettibilità agli inibitori della neuraminidasi (IN: zanamivir e oseltamivir) mediante analisi fenotipiche (saggio enzimatico di inibizione della neuraminidasi-NA). In particolare, tra i suddetti virus, il 96% ha mostrato un'attività enzimatica della NA sufficiente per poter completare il saggio fenotipico.

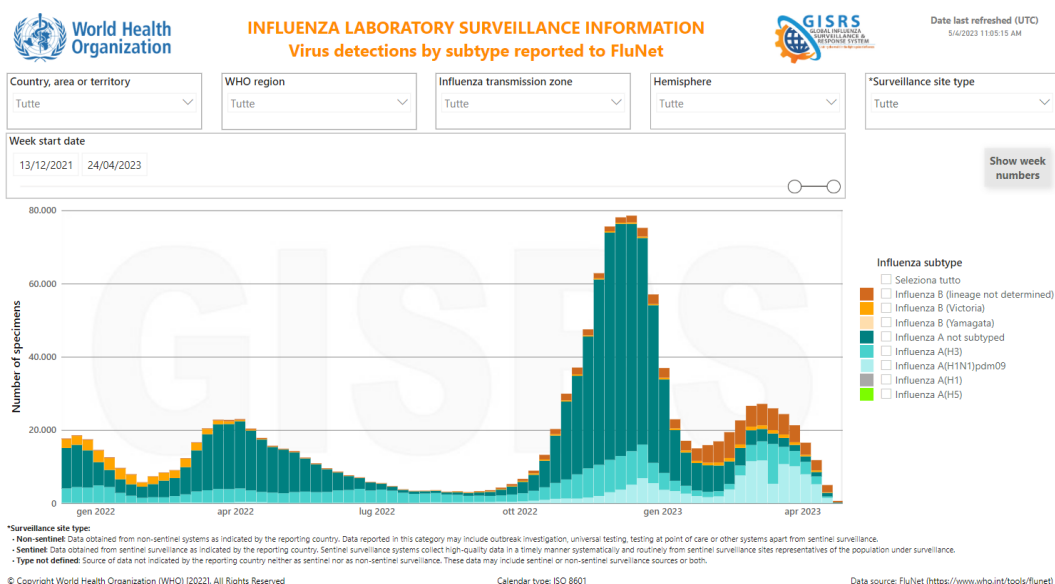
Nel complesso, i saggi effettuati hanno permesso di evidenziare la totale sensibilità dei ceppi analizzati sia verso lo zanamivir che l'oseltamivir. Il saggio fenotipico ha, infatti, mostrato valori di IC50 (concentrazione di farmaco inibente il 50% dell'attività della NA virale) tipici dei virus influenzali sensibili ad entrambi gli IN. Inoltre, le analisi genotipiche condotte su una parte dei suddetti virus, non hanno evidenziato la presenza di marcatori molecolari noti per essere associati a resistenza a tali farmaci.

## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali è in ulteriore diminuzione nell'emisfero nord, mentre alcuni paesi dell'emisfero sud riportano un aumento del numero di identificazioni di virus influenzali nelle ultime settimane. In Nord-America, la circolazione dei virus influenzali è diminuita, tornando ai livelli tipici per questo periodo dell'anno. In Europa, nel complesso, le identificazioni di virus influenzali sono diminuite e le positività per influenza tra i campioni sentinella sono scese tornando ai livelli della soglia epidemica del 10%. I virus B sono attualmente prevalenti, sebbene siano in diminuzione. In Asia centrale, la circolazione è oramai a bassi livelli, così come in Nord Africa. In Asia orientale si osserva ancora una discreta circolazione dei virus influenzali, in particolare in Cina dove è associata al sottotipo A(H1N1)pdm09. Nelle zone tropicali del sud-America, le identificazioni di virus influenzali sono aumentate e associate al sottotipo A(H1N1)pdm09. Nei paesi del sud-est asiatico, le identificazioni di virus influenzali A(H3N2) sono elevate, particolarmente in Malesia e Singapore.

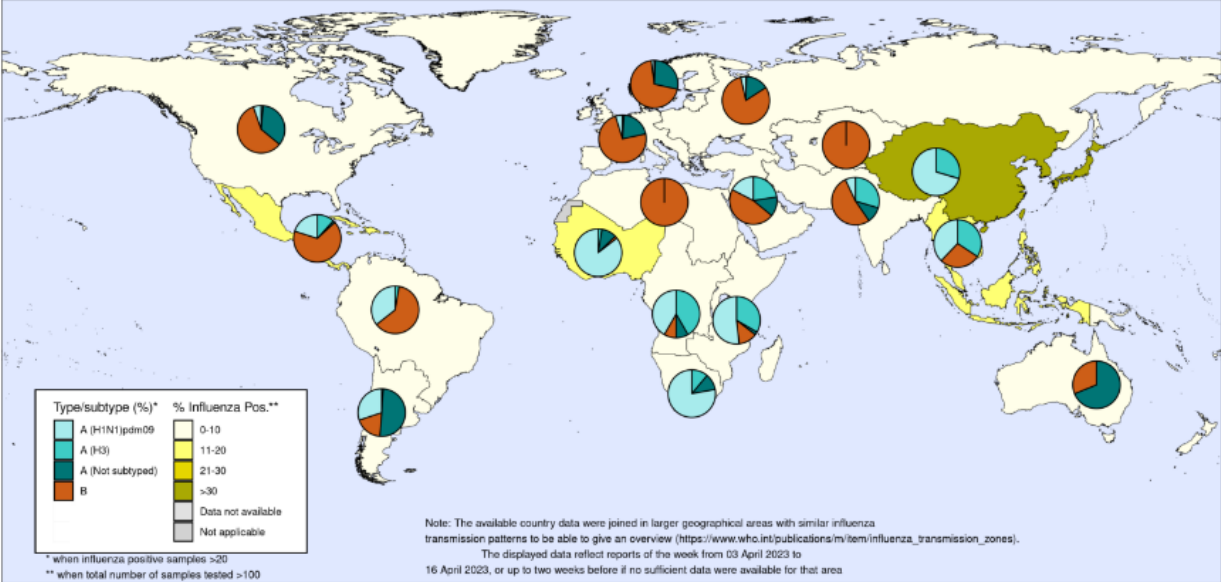
Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, l'attività dei virus influenzali rimane a bassi livelli, sebbene si registri un incremento sia in Cile che in Australia.

Il grafico seguente riporta la circolazione dei virus influenzali nel mondo, aggiornata alla 17<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2023.



Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (1 maggio 2023) e relativo ad oltre 355.524 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 3 e il 16 aprile 2023, 27.958 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 21.176 (75,7%) appartenevano al tipo A e 6.782 (24,3%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 12.988 (70,2%) erano H1N1pdm09 e 5.525 (29,8%) H3N2. Nell'ambito dei virus B per i quali è stato caratterizzato il lineaggio, tutti (N=839) sono risultati appartenere al lineaggio Victoria.

Percentage of respiratory specimens that tested positive for influenza  
 By influenza transmission zone  
 Map generated on 28 April 2023



The boundaries and names shown and the designations used on this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted and dashed lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.



Data source: Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS), FluNet (<https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>)  
 Copyright WHO 2023. All rights reserved.

## USA

In tutti gli Stati Uniti, la circolazione dei virus influenzali si mantiene a bassi livelli. Nella settimana 16/2023, sono stati testati **3.542** 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 **38** campioni risultati positivi al virus influenzale, 23 (60,5%) appartengono al tipo A, in particolare 13 sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 4 al sottotipo H3N2, mentre altri 6 non sono stati sottotipizzati. Questa settimana sono stati identificati 15 (39,5%) virus B, 9 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

	Week 16	Data Cumulative since October 2, 2022 (Week 40)
No. of specimens tested	3,542	233,873
No. of positive specimens	38	28,897
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
<b>Influenza A</b>	23 (60.5%)	28,369 (98.2%)
(H1N1)pdm09	13 (76.5%)	6,395 (26.8%)
H3N2	4 (23.5%)	17,458 (73.2%)
H3N2v	0	1 (<0.1%)
Subtyping not performed	6	4,515
<b>Influenza B</b>	15 (39.5%)	527 (1.8%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	9 (100%)	395 (100%)
Lineage not performed	6	132

Il CDC riporta che nell'ambito dei 2.761 ceppi virali, raccolti a partire dal 2 ottobre 2022, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 853/1.011 (84,3%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a.1, 152 (15,1%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a e 6 (0,6%) al sottogruppo 6B.1A.5a.1. Centotrentadue ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 128 di questi (97%) hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo di riferimento A/Wisconsin/588/2019-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2022/2023 nell'Emisfero Nord.
- 1.151/1.618 (71,1%) ceppi H3N2 geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1b.2a.2b, 184 (11,4%) *sub-clade* 3C.2a1b.2a.2a.1, 132 (8,2%) al *sub-clade* 3C.2a1b.2a.2a.1b. I restanti 151 ceppi si distribuiscono in altri 5 diversi *sub-clade*. Un sottogruppo di 189 ceppi H3N2 è stato caratterizzato dal punto di vista antigenico e 177 di questi (94%) hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021-like, propagato in cellula.
- 132 sono i virus di tipo B analizzati, tutti appartenenti al lineaggio Victoria.

Centoventitrè dei suddetti ceppi Victoria (97%) 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, mentre 4 al *sub-clade* V1A.3. Dal punto di vista antigenico, 28 virus B/Victoria sono stati finora analizzati e sono risultati correlati al suddetto ceppo vaccinale.

Per ulteriori informazioni relativo al quadro complessivo statunitense, si rimanda al report settimanale del [CDC](#).



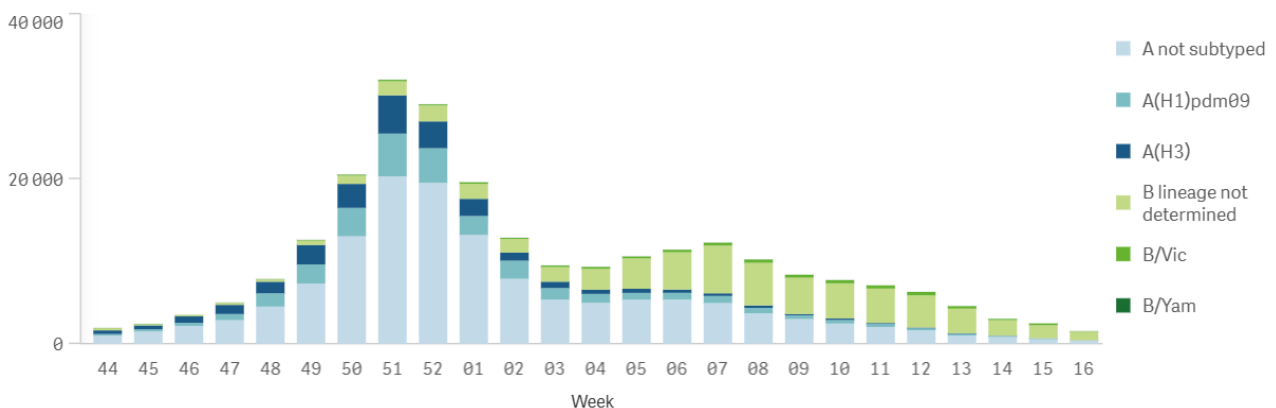
## EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra bassi livelli di attività dei virus influenzali nella maggior parte dei paesi membri. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 16<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2023, la positività al virus influenzale è diminuita al 9%, rispetto al 10% della settimana precedente, al di sotto della soglia epidemica (10%).

Nella 16<sup>a</sup> settimana del 2023, vengono riportati i dati relativi a **1.505** identificazioni virali. In particolare:

- 418 (28%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 30 virus sottotipizzati, 25 (83%) sono risultati A(H1)pdm09 e 5 (17%) A(H3).
- 1.087 (72%) virus sono risultati appartenere al tipo B; tutti i 26 ceppi per i quali è stato caratterizzato il lineaggio sono risultati B/Victoria.

Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana, WHO Europe, stag. 2022/23



Identificazioni di virus influenzali in campioni raccolti da fonti non-sentinella in Europa (WHO Europe)

Virus tipo/sottotipo	Settimana 16-2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Settimana 16-2023 % di virus influenzali identificati	Stagione 2022/2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Stagione 2022/2023 % di virus influenzali identificati
<b>Totale identificazioni (testati)</b>	<b>1.505</b> (34.223)	<b>4%</b>	<b>255.612</b> (1.992.533)	<b>13%</b>
<b>Influenza A</b>	<b>418</b>	<b>28%</b>	<b>192.953</b>	<b>76%</b>
A non sottotipizzati	388	93%	136.781	71%
A(H1)pdm09	25	6%	31.070	16%
A(H3)	5	1%	25.102	13%
<b>Influenza B</b>	<b>1.087</b>	<b>72%</b>	<b>62.659</b>	<b>24%</b>
B lineaggio non determinato	1.061	98%	57.699	92%
B/Victoria	26	2%	4.960	8%
B/Yamagata	0	0%	0	0%

Come evidenziato in tabella, dall'inizio della stagione 255.612 campioni clinici raccolti da fonti non-sentinella (ospedali, scuole, strutture di assistenza primaria non incluse nella sorveglianza sentinella etc.), sono risultati positivi all'influenza; di questi, 192.953 (76%) appartenevano al tipo A e 62.659 (24%) al tipo B. Tra i 56.172 ceppi A sottotipizzati, 31.070 (55%) sono risultati H1N1pdm09 e 25.102 (45%) H3N2. Tutti i 4.960 virus B caratterizzati sono risultati appartenere al lineaggio Victoria.

Per quanto riguarda la sorveglianza sentinella, nella settimana 16/2023, 171 (9%) di 1.935 campioni clinici raccolti sono risultati positivi per influenza, il 14% di tipo A e l'86% di tipo B. Dei 10 virus A sottotipizzati il 90% apparteneva al sottotipo H1pdm09 e il 10% al sottotipo H3. Tutti i 40 virus B caratterizzati sono risultati appartenere al lineaggio Victoria. Dall'inizio della stagione (settimane 40/2022-16/2023), 27.557 (23%) di 121.891 campioni analizzati sono risultati positivi, 19.422 di tipo A (70%) e 8.135 di tipo B (30%). Tra i 15.710 virus A sottotipizzati, 10.054 (64%) erano H3 e 5.656 (36%) H1pdm09. Tutti i 2.460 virus B caratterizzati appartenevano al lineaggio Victoria.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2022, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 6.025 ceppi virali:

- 2.377/2.497 (95%) virus di **tipo A**, sottotipo **H3N2** sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b.2a.2, di cui 1.449 (58%) rappresentati dal ceppo A/Bangladesh/4005/2020, 773 (31%) dal ceppo A/Slovenia/8720/2022 e 155 (6%) dal ceppo A/Darwin/9/2021. Tre ceppi appartenevano al sottogruppo 3C.2a1b.1a, rappresentati dal ceppo A/Denmark/3264/2019. Per 117 (5%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 1.468/2.487 (59%) virus di **tipo A**, sottotipo **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2, di cui 737 (50%) erano rappresentati dal ceppo A/Sydney/5/2021, 698 (47%) dal ceppo A/Norway/25089/2022 e 33 (2%) dal ceppo A/Victoria/2570/2019. Cinque virus sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.1, rappresentato dal ceppo A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019, mentre per 1.014 (41%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 722/1.041 (69%) virus **B/Victoria** caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo B/Austria/1359417/2021, mentre per altri 319 (31%) non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.

Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali dell'[ECDC](https://ecdc.europa.eu/).

*L'elaborazione dei dati e la realizzazione del presente rapporto sono a cura della dott.ssa Simona Puzelli e del gruppo di lavoro del NIC/ISS (M. Facchini, G. Di Mario, A. Di Martino, C. Fabiani, L. Calzoletti).*