



# Rapporto Virologico

## RespiVirNet

### Stagione influenzale 2024-2025

Settimana **2025 – 09**  
dal **24 febbraio** al **02 marzo 2025**

Il presente rapporto descrive i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 09/2025 (24 febbraio - 2 marzo 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 09/2025, continua a diminuire la percentuale dei **campioni risultati positivi per influenza (28,2%)**, rispetto alla settimana precedente (29,2%).
- Tra i 2.801 campioni ricevuti dai laboratori della rete RespiVirNet, **790** sono risultati positivi per **influenza**, di cui 433 di tipo **A** (195 di sottotipo H3N2, 95 H1N1pdm09 e 143 non ancora sottotipizzati) e 357 di tipo **B**.
- Tra i campioni analizzati nella nona settimana, **275 (9,8%)** sono risultati positivi per **VRS**, **34 (1,2%)** per **SARS-CoV-2** e i rimanenti 468 sono risultati positivi per altri virus respiratori (**199 (7,1%) Rhinovirus**, 106 Metapneumovirus, 72 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2, 52 Adenovirus, 27 Bocavirus e 12 virus Parainfluenzali).
- La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (10,9 casi/1000 assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/09*), tra cui in particolare **virus influenzali, VRS e Rhinovirus**.
- In questo rapporto viene incluso un aggiornamento relativo ai risultati delle analisi filogenetiche condotte sui geni codificanti per le emagglutinine (HA) dei virus influenzali **A(H3N2)** circolanti in Italia nella stagione in corso 2024/2025 (Figure 8).
- Ad oggi, sul portale RespiVirNet non è stato segnalato nessun campione positivo per influenza di tipo A “non sottotipizzabile” per i virus influenzali stagionali e/o appartenente ad altro sottotipo (es. A/H5).

## ITALIA

Durante la settimana 09/2025 sono stati segnalati, attraverso il portale RespiVirNet, **2.801** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete RespiVirNet. Dalle analisi effettuate, **790 (28,2%)** sono risultati positivi per **influenza**, 433 di tipo **A** (195 di sottotipo **H3N2**, 95 **H1N1pdm09** e 143 non ancora sottotipizzati) e 357 di tipo **B**.

Nel complesso, dall'inizio della stagione sono stati identificati 7.785 ceppi di tipo **A** (69,3%), prevalentemente appartenenti al sottotipo **H1N1pdm09**, e 3.455 di tipo **B** (30,7%) (Tabella 2a).

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 275 (9,8%) sono risultati positivi per il **Virus Respiratorio Sinciziale (VRS)**, 199 (7,1%) per **Rhinovirus**, 106 (3,8%) per **Metapneumovirus**, 72 (2,6%) per **Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2**, 52 per **Adenovirus**, 34 (1,2%) per **SARS-CoV-2**, 27 per **Bocavirus** e 12 per **virus Parainfluenzali** (Tabella 2b).

Durante la settimana 09/2025, sono state inoltre segnalate 4 diagnosi di *Mycoplasma pneumoniae*, una delle quali dal laboratorio di Bolzano, una da Pescara, una da Potenza e una da Torino.

La co-circolazione di diversi virus respiratori contribuisce a determinare il valore di incidenza delle sindromi simil-influenzali (ILI) registrato nella nova settimana (10,9 casi per mille assistiti, come riportato nel *Rapporto epidemiologico 2025/09*), tra cui in particolare virus influenzali, VRS e Rhinovirus (Figure 4, 5, 6). In figura 7, viene riportata la distribuzione dei campioni positivi per i diversi virus respiratori sotto monitoraggio, per fascia di età.

**Tabella 1** Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato dati nella 09<sup>a</sup> settimana del 2025

| Città   | Laboratorio             | Referente                |
|---------|-------------------------|--------------------------|
| ANCONA  | UNIVERSITA'             | S.Menzo                  |
| AOSTA   | AO "Umberto Parini"     | P. Falcone               |
| BARI    | UOC Policlinico di Bari | M. Chironna              |
| BOLZANO | AS Alto Adige           | E. Pagani                |
| COSENZA | AO "Annunziata"         | F. Greco                 |
| FIRENZE | UNIVERSITA'             | G.M. Rossolini           |
| GENOVA  | UNIVERSITA'             | G. Icardi                |
| MILANO  | UNIVERSITA'             | E. Pariani               |
| MILANO  | ASST FBF Sacco          | M.R. Gismondo            |
| PADOVA  | UNIVERSITA'             | A. Dei Tos               |
| PALERMO | UNIVERSITA'             | F. Vitale                |
| PARMA   | UNIVERSITA'             | P. Affanni, M.E. Colucci |
| PERUGIA | UNIVERSITA'             | B. Camilloni             |
| PESCARA | PO "Santo Spirito"      | P. Fazii                 |
| PISA    | AO Universitaria Pisana | A. L. Capria             |
| POTENZA | AOR "San Carlo"         | A. Picerno               |
| ROMA    | 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         | TOT            |
|----------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|------------|------------|------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|------------|------------|----------------|
| <b>Influenza A</b>   | 20        | 25        | 41        | 59        | 99         | 187        | 271        | 574        | 865          | 959          | 1.174        | 1.084        | 771          | 694          | 529        | 433        | <b>7.785</b>   |
| A non sottotipizzati | 1         | 1         | 2         | 11        | 10         | 21         | 49         | 68         | 119          | 130          | 169          | 158          | 117          | 114          | 102        | 143        | <b>1.215</b>   |
| A(H3N2)              | 5         | 2         | 6         | 6         | 19         | 39         | 67         | 189        | 250          | 284          | 355          | 391          | 321          | 291          | 272        | 195        | <b>2.692</b>   |
| A(H1N1)pdm2009       | 14        | 22        | 33        | 42        | 70         | 127        | 155        | 317        | 496          | 545          | 650          | 535          | 333          | 289          | 155        | 95         | <b>3.878</b>   |
| <b>Influenza B</b>   | 4         | 6         | 12        | 18        | 30         | 56         | 76         | 125        | 186          | 259          | 441          | 495          | 457          | 500          | 433        | 357        | <b>3.455</b>   |
| <b>TOT. POSITIVI</b> | <b>24</b> | <b>31</b> | <b>53</b> | <b>77</b> | <b>129</b> | <b>243</b> | <b>347</b> | <b>699</b> | <b>1.051</b> | <b>1.218</b> | <b>1.615</b> | <b>1.579</b> | <b>1.228</b> | <b>1.194</b> | <b>962</b> | <b>790</b> | <b>11.240*</b> |

\*Su un totale di 43.474 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.

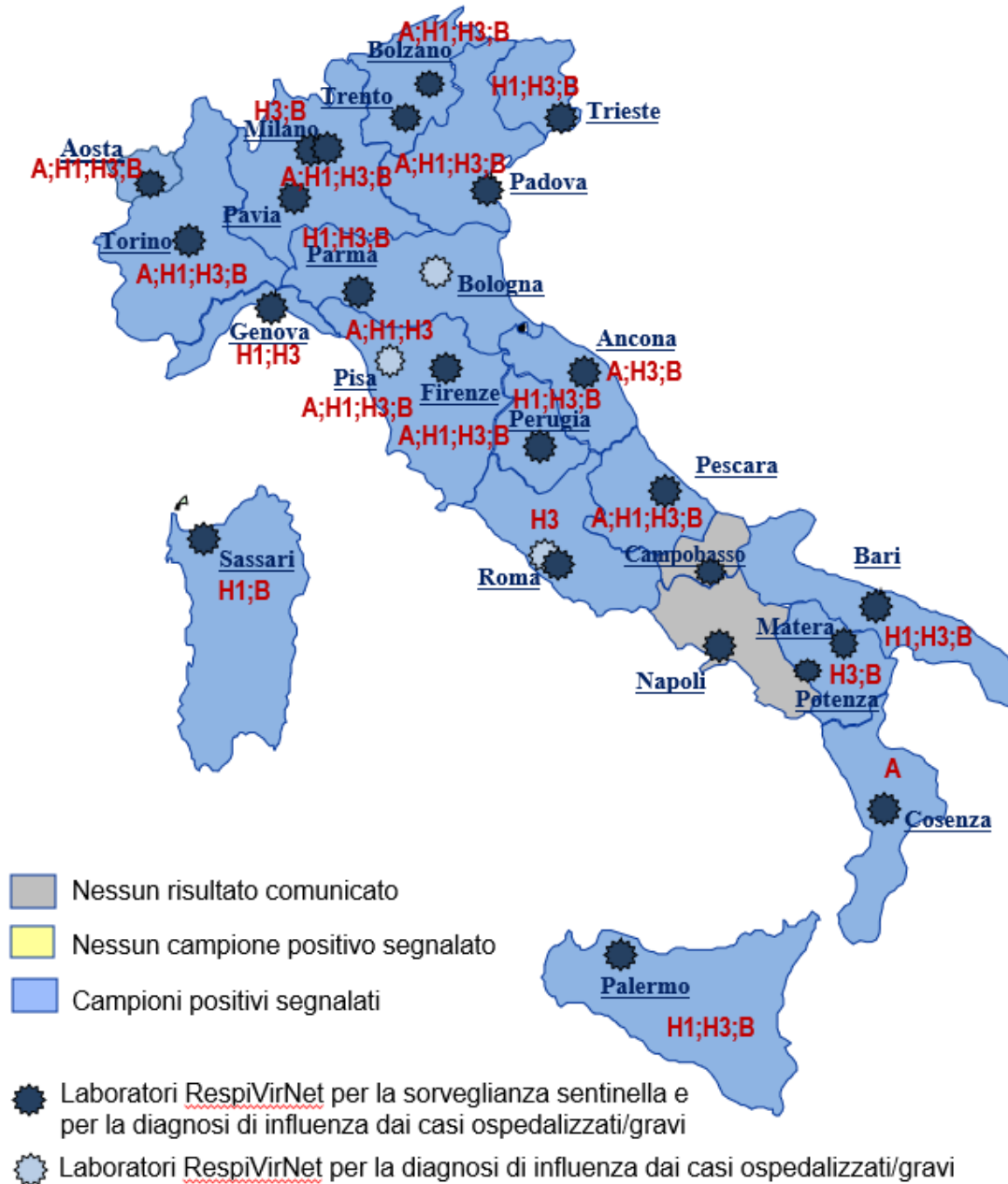
b) Identificazioni di **altri virus respiratori** in Italia (a partire dalla settimana 46/2024)

|                        | 46         | 47         | 48         | 49         | 50         | 51         | 52         | 01         | 02         | 03         | 04           | 05         | 06         | 07           | 08           | 09         | TOT           |
|------------------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|--------------|------------|------------|--------------|--------------|------------|---------------|
| <b>SARS-CoV-2</b>      | 53         | 65         | 68         | 98         | 90         | 77         | 69         | 93         | 104        | 95         | 85           | 63         | 56         | 42           | 26           | 34         | <b>1.118</b>  |
| <b>Adenovirus</b>      | 61         | 55         | 67         | 90         | 86         | 102        | 77         | 72         | 61         | 69         | 62           | 61         | 62         | 64           | 74           | 52         | <b>1.115</b>  |
| <b>Bocavirus</b>       | 5          | 5          | 9          | 9          | 9          | 13         | 15         | 16         | 17         | 23         | 23           | 30         | 19         | 36           | 20           | 27         | <b>276</b>    |
| <b>Corona</b>          | 23         | 32         | 45         | 75         | 76         | 87         | 82         | 105        | 113        | 137        | 132          | 116        | 106        | 113          | 109          | 72         | <b>1.423</b>  |
| <b>Metapneumovirus</b> | 3          | 4          | 11         | 11         | 12         | 23         | 19         | 41         | 33         | 44         | 74           | 81         | 84         | 89           | 128          | 106        | <b>763</b>    |
| <b>Rhinovirus</b>      | 247        | 267        | 312        | 338        | 280        | 287        | 185        | 207        | 218        | 237        | 218          | 214        | 216        | 237          | 242          | 199        | <b>3.904</b>  |
| <b>VRS</b>             | 18         | 29         | 64         | 85         | 139        | 149        | 205        | 207        | 233        | 256        | 403          | 403        | 439        | 431          | 397          | 275        | <b>3.733</b>  |
| <b>Para</b>            | 39         | 51         | 45         | 50         | 31         | 41         | 15         | 19         | 21         | 33         | 19           | 11         | 14         | 10           | 19           | 12         | <b>430</b>    |
| <b>TOT. POSITIVI</b>   | <b>449</b> | <b>508</b> | <b>621</b> | <b>756</b> | <b>723</b> | <b>779</b> | <b>667</b> | <b>760</b> | <b>800</b> | <b>894</b> | <b>1.016</b> | <b>979</b> | <b>996</b> | <b>1.022</b> | <b>1.015</b> | <b>777</b> | <b>12.762</b> |

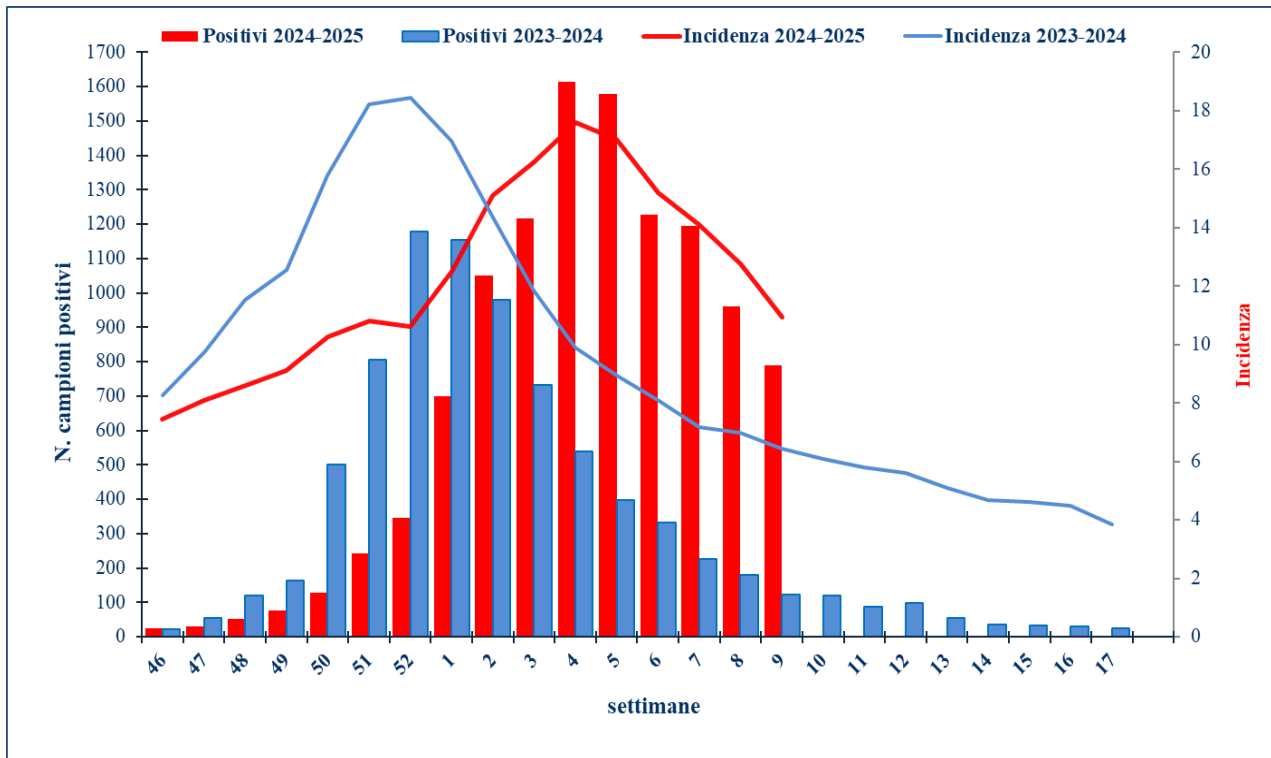
Corona: Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2; Para: virus Parainfluenzali

N.B. I dati riportati in tabella sono da considerarsi in fase di consolidamento; si sottolinea inoltre che: i) in caso di trasmissione di più campioni con lo stesso risultato, relativi a un singolo paziente in una data settimana, questo viene conteggiato una sola volta; ii) un campione viene considerato positivo per un dato virus qualora risulti positivo a quel virus almeno in un singolo invio.

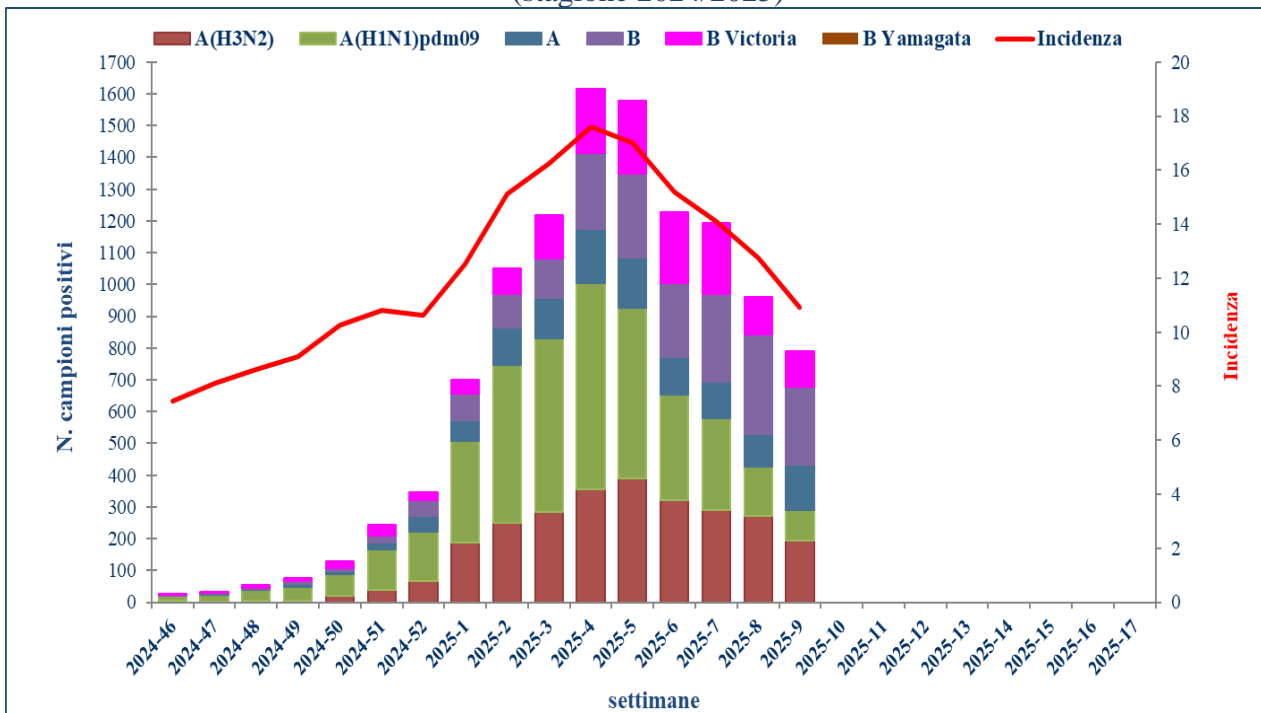
Figura 1 Laboratori regionali RespiVirNet che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 09<sup>a</sup> settimana del 2025



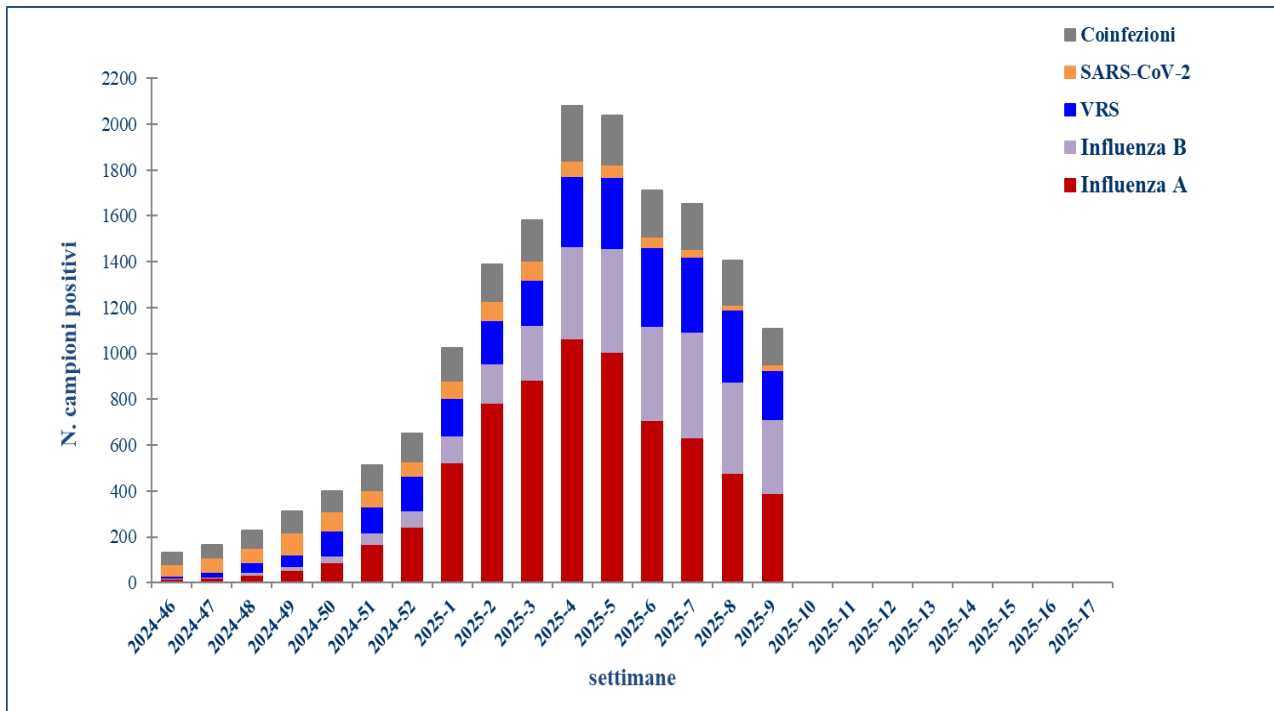
**Figura 2** Andamento settimanale dei campioni positivi ai **virus influenzali** della presente stagione 2024/2025, rispetto alla stagione 2023/2024



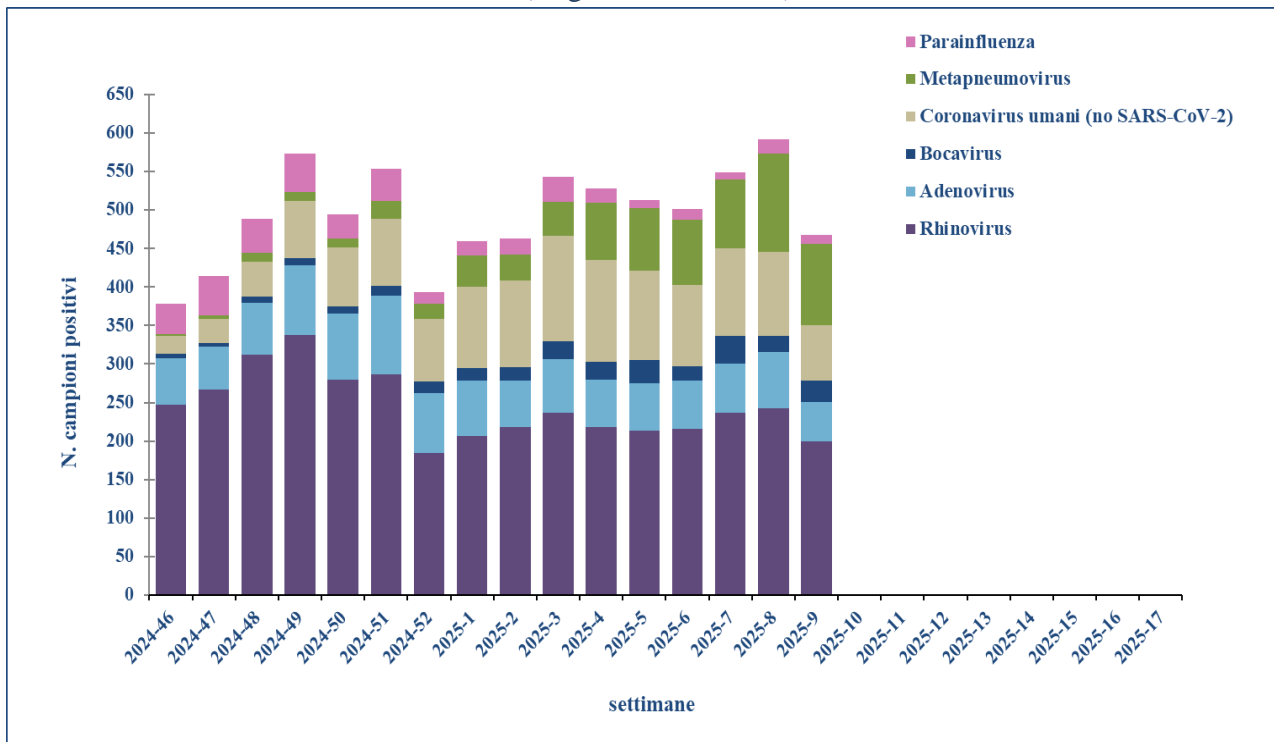
**Figura 3** Andamento settimanale dei campioni positivi al **virus influenzale**, per tipo/sottotipo (stagione 2024/2025)



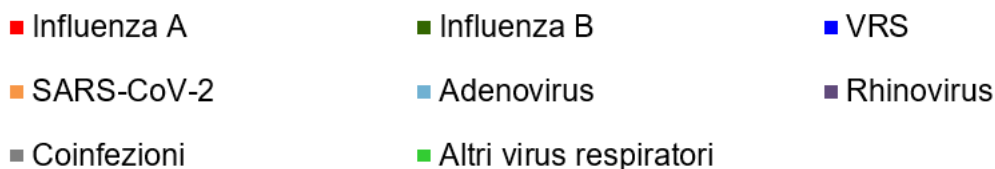
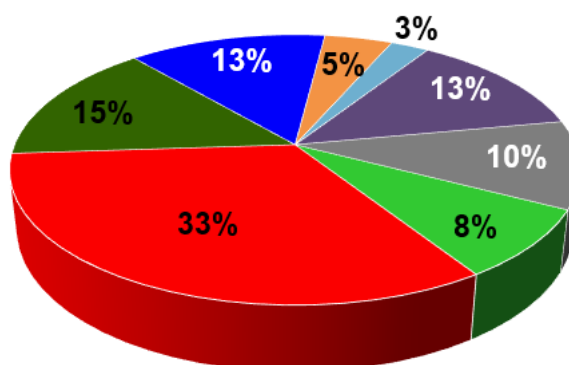
**Figura 4** Andamento settimanale dei campioni risultati positivi per **influenza (A e B)**, **VRS** e **SARS-CoV-2** e dei campioni con **coinfezioni** (stagione 2024/2025)



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

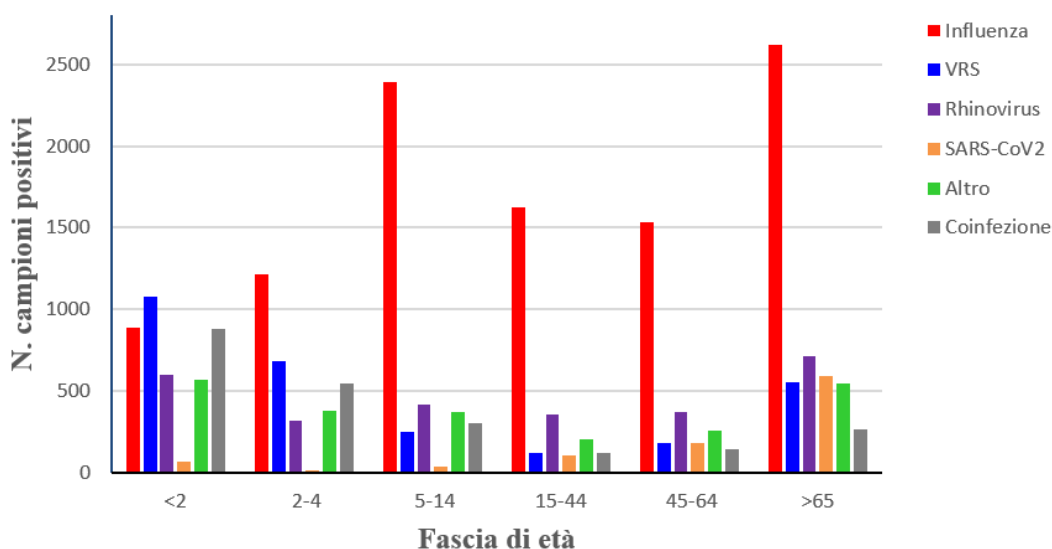


**Figura 6** Proporzioni dei campioni positivi per tutti i virus respiratori sotto monitoraggio (settimane 46/2024-09/2025)



*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 virus influenzali A(H3N2) finora identificati in Italia nella stagione 2024-2025

---

La stagione influenzale 2024-2025 in Italia è stata finora caratterizzata da una co-circolazione di virus influenzali di tipo A e B, con prevalenza di virus di tipo A (69,3% dei campioni risultati positivi all'influenza), rispetto ai virus di tipo B (30,7%). Nell'ambito dei virus A finora sottotipizzati, il 41% è risultato appartenere al sottotipo **H3N2**.

Le analisi filogenetiche relative ad una selezione di ceppi **A(H3N2)**, finora identificati in Italia, evidenziano la loro appartenenza al *clade* **3C.2a1b.2a.2a.3a.1** (Figura 8). Nell'ambito di questo *clade*, la quasi totalità dei virus si raggruppa nel *subclade* **J.2**, raggruppamento a cui appartengono anche i nuovi ceppi selezionati per la composizione del vaccino per la prossima stagione influenzale 2025/2026 (emisfero nord), **A/Croatia/10136RV/2023** e **A/District Of Columbia/27/2023**, definito dai cambiamenti aminoacidici N122D e K276E.



**Figura 8.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di una selezione 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**

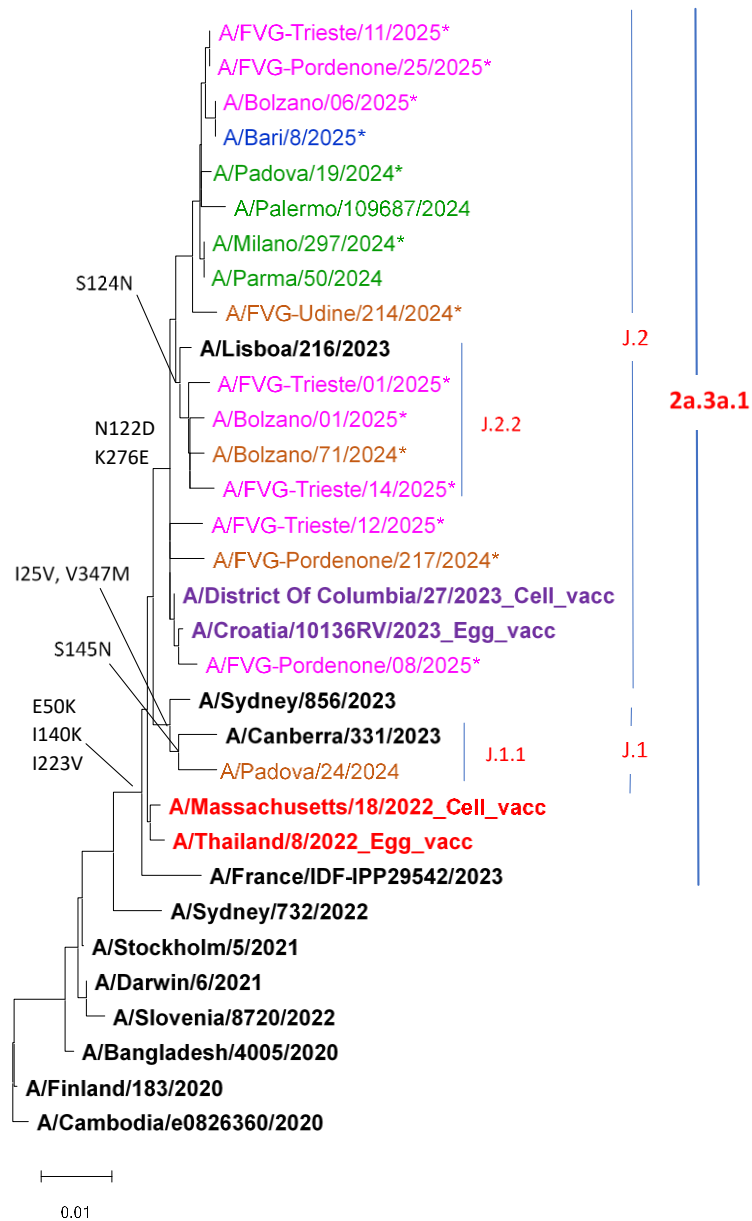
Data di raccolta (mese):

Novembre 2024

Dicembre 2024

Gennaio 2025

Febbraio 2025



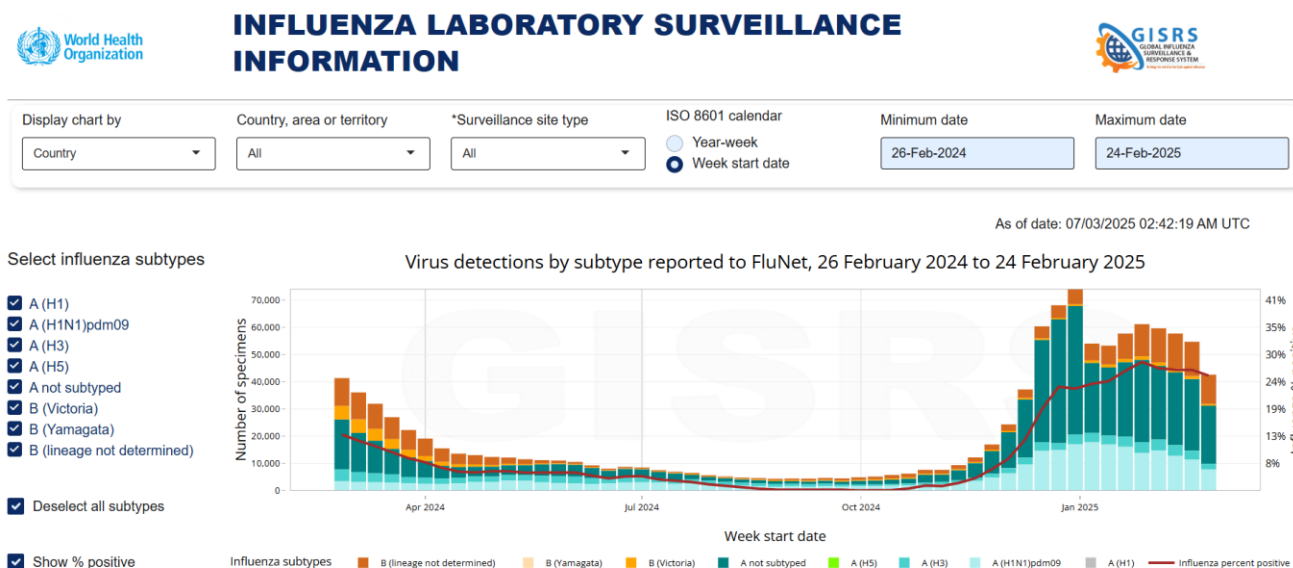
\*sequenza ottenuta presso il laboratorio di riferimento regionale

## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nell'emisfero Nord, la circolazione dei virus influenzali rimane sostenuta in diversi paesi, in particolare in nord America (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09), in America centrale (associata ad entrambi i virus A/H3N2 e A/H1N1pdm09), in sud America (associata a virus A/H1N1pdm09 e B), in nord Africa (associata ad entrambi i virus A/H3N2 e A/H1N1pdm09), in Africa orientale (prevalentemente associata a virus A/H3N2 e B), occidentale (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09), in Asia occidentale (associata ai virus A/H3N2), Asia meridionale (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi), nel Sud-est Asiatico (associata a virus A/H1N1pdm09 e B), in Asia orientale (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09). e in Europa (associata a virus appartenenti a tutti i diversi tipi/sottotipi).

Nell'emisfero Sud, la circolazione dei virus influenzali risulta elevata soprattutto in alcuni paesi dell'Africa orientale (prevalentemente associata a virus A/H3N2 e B), del Sud-est Asiatico (associata a virus A/H1N1pdm09 e B) e in Oceania (prevalentemente associata a virus A/H1N1pdm09).

Il grafico sottostante descrive la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 8<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2025, come riportato dal WHO ([Global Influenza Programme \(who.int\)](https://www.who.int)).



## USA

Nella maggior parte degli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali resta sostenuta, sebbene sia stato registrato un decremento nelle ultime due settimane. Durante la settimana 08/2025, le identificazioni dei virus influenzali sono risultate associate soprattutto a ceppi di sottotipo A(H3N2) e A(H1N1)pdm09.

In particolare, nella sopraindicata settimana, sono stati esaminati **3.817** 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 2.825 campioni risultati positivi al virus influenzale, 2.712 (96%) appartenevano al tipo A: tra i 2.200 campioni positivi per influenza A sottotipizzati, 1.323 (60,1%) sono risultati appartenere al sottotipo H1N1pdm09 e 877 (39,9%) al sottotipo H3N2. I restanti 113 (4%) campioni sono risultati appartenere al tipo B, 48 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria.

|                                           | Week 8        | Data Cumulative since<br>September 29, 2024<br>(Week 40) |
|-------------------------------------------|---------------|----------------------------------------------------------|
| No. of specimens tested                   | 3,817         | 91,904                                                   |
| No. of positive specimens                 | 2,825         | 60,988                                                   |
| <i>Positive specimens by type/subtype</i> |               |                                                          |
| <b>Influenza A</b>                        | 2,712 (96.0%) | 59,337 (97.3%)                                           |
| <b>Subtyping Performed</b>                | 2,200 (81.1%) | 51,506 (86.8%)                                           |
| (H1N1)pdm09                               | 1,323 (60.1%) | 25,846 (50.2%)                                           |
| H3N2                                      | 877 (39.9%)   | 25,580 (49.7%)                                           |
| H3N2v                                     | 0             | 0                                                        |
| H5*                                       | 0             | 80 (0.1%)                                                |
| <b>Subtyping not performed</b>            | 512 (18.9%)   | 7,831 (13.2%)                                            |
| <b>Influenza B</b>                        | 113 (4.0%)    | 1,651 (2.7%)                                             |
| <b>Lineage testing performed</b>          | 48 (42.5%)    | 735 (44.5%)                                              |
| Yamagata lineage                          | 0             | 0                                                        |
| Victoria lineage                          | 48 (100.0%)   | 735 (100.0%)                                             |
| <b>Lineage not performed</b>              | 65 (57.5%)    | 916 (55.5%)                                              |

\*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 2.168 ceppi virali, raccolti a partire dal 29 settembre 2024, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 473/824 (57,4%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2a, gli altri 351 (42,6%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1. Centotrentadue 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 2024/2025 nell'Emisfero Nord.
- 1.159/1.164 (99,6%) 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 5 al sottogruppo 3C.2a1b.2a.3a. Un sottogruppo di 204 ceppi H3N2 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 112 (54,9%) 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.
- 180 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, 65 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 8<sup>a</sup> settimana del 2025 si continua a registrare una sostenuta circolazione di virus respiratori. La circolazione dei **virus influenzali** si mantiene elevata, con co-circolazione di virus A(H1)pdm09, A(H3) e B/Victoria. Le ospedalizzazioni dovute al virus influenzale riguardano soprattutto le persone di età pari o superiore a 65 anni, maggiormente interessate dalle forme cliniche più gravi di infezione. Per quanto riguarda la circolazione del **VRS**, alcuni paesi hanno segnalato di aver superato il picco mentre in altri si osserva una circolazione stabile o in aumento. Il maggior rischio di ospedalizzazione si registra tra i bambini di età <5 anni.

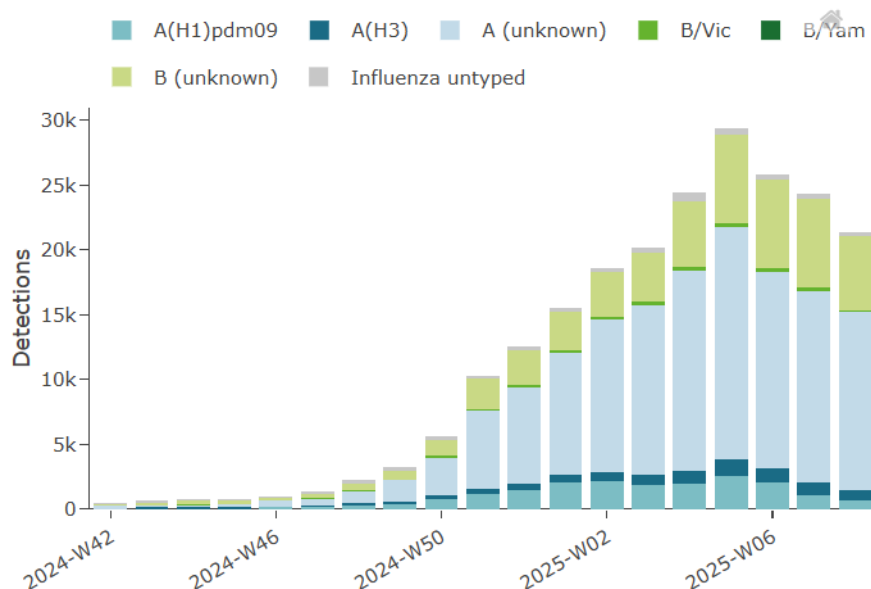
La circolazione del **SARS-CoV-2** risulta attualmente bassa.

Nella 8<sup>a</sup> settimana del 2025 vengono riportati i dati relativi a **21.119** identificazioni di virus influenzali. In particolare:

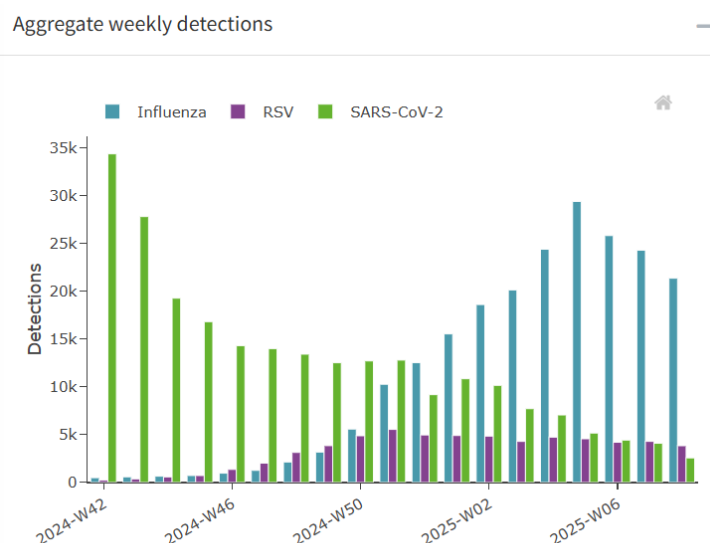
- 15.241 (72%) virus sono risultati appartenere al **tipo A**; dei 1.475 virus sottotipizzati, 814 (55%) sono risultati A(H3) e 661 (45%) A(H1)pdm09.
- 5.878 (28%) virus sono risultati appartenere al **tipo B**, 110 dei quali sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria.

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

Aggregate weekly detections



Andamento settimanale delle identificazioni di campioni positivi per Influenza, VRS e SARS-CoV-2  
settimana (ERVISS), stagione 2024/2025



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 3.906 ceppi di virus influenzale:

- 1.691/1.911 (88,5%) 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, 163 (8,5%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a.1 (D) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Victoria/4897/2022 e 57 (3%) al sottogruppo 6B.1A.5a.2a (C.1) rappresentato dal ceppo A/Sydney/5/2021.
- 651/921 (71%) virus di tipo A, sottotipo H3N2, sono risultati appartenere al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2) rappresentato dal ceppo A/Croatia/10136RV/2023, 123 (13%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.2) rappresentato dal ceppo A/Lisboa/216/2023, 113 (12%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J.2.1) rappresentato dal ceppo A/WestVirginia/51/2024 e 10 (1%) al sottogruppo 2a.3a.1 (J) rappresentato dal ceppo vaccinale A/Thailand/8/2022.
- 723/1.074 (67%) virus B/Victoria caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2 (C.5.1) rappresentato dal ceppo B/Catalonia/2279261NS/2023, 165 (15%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.7) rappresentato dal ceppo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023, 150 (14%) al *clade* V1A.3a.2 (C.5.6) rappresentato dal ceppo B/Switzerland/329/2024 e 22 (2%) 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.*