



NIC - DMI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - D.M.I.

DMI 22/02/2017-0000195



Documento Interno

1

# Rapporto N. 14 del 22 febbraio 2017

## Settimana 7/2017

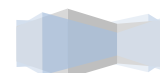
**CENTRO NAZIONALE INFLUENZA/NIC-DMI**

Responsabile: Maria Rita Castrucci

### **Gruppo di lavoro:**

Simona Puzelli  
Angela Di Martino  
Annapina Palmieri  
Marzia Facchini  
Laura Calzoletti  
Concetta Fabiani  
Giuseppina Di Mario  
Tiziana Grisetti

1 di 13



### In evidenza:

Nel presente report viene incluso un ulteriore aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) di un rappresentativo numero di virus influenzali A(H3N2), circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2016/2017 (Figura 3).

## ITALIA

Durante la settimana 7/2017 sono stati raccolti **486** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e di questi, **103 (21%)** sono risultati positivi al virus influenzale. In particolare, 85 sono risultati di tipo A (81 H3N2, 3 H1N1pdm09 e 1 A non ancora sottotipizzato) e 18 di tipo B. Nel complesso, si registra dunque una sostanziale diminuzione dei campioni positivi, in linea con il calo di incidenza rilevato nelle ultime settimane.

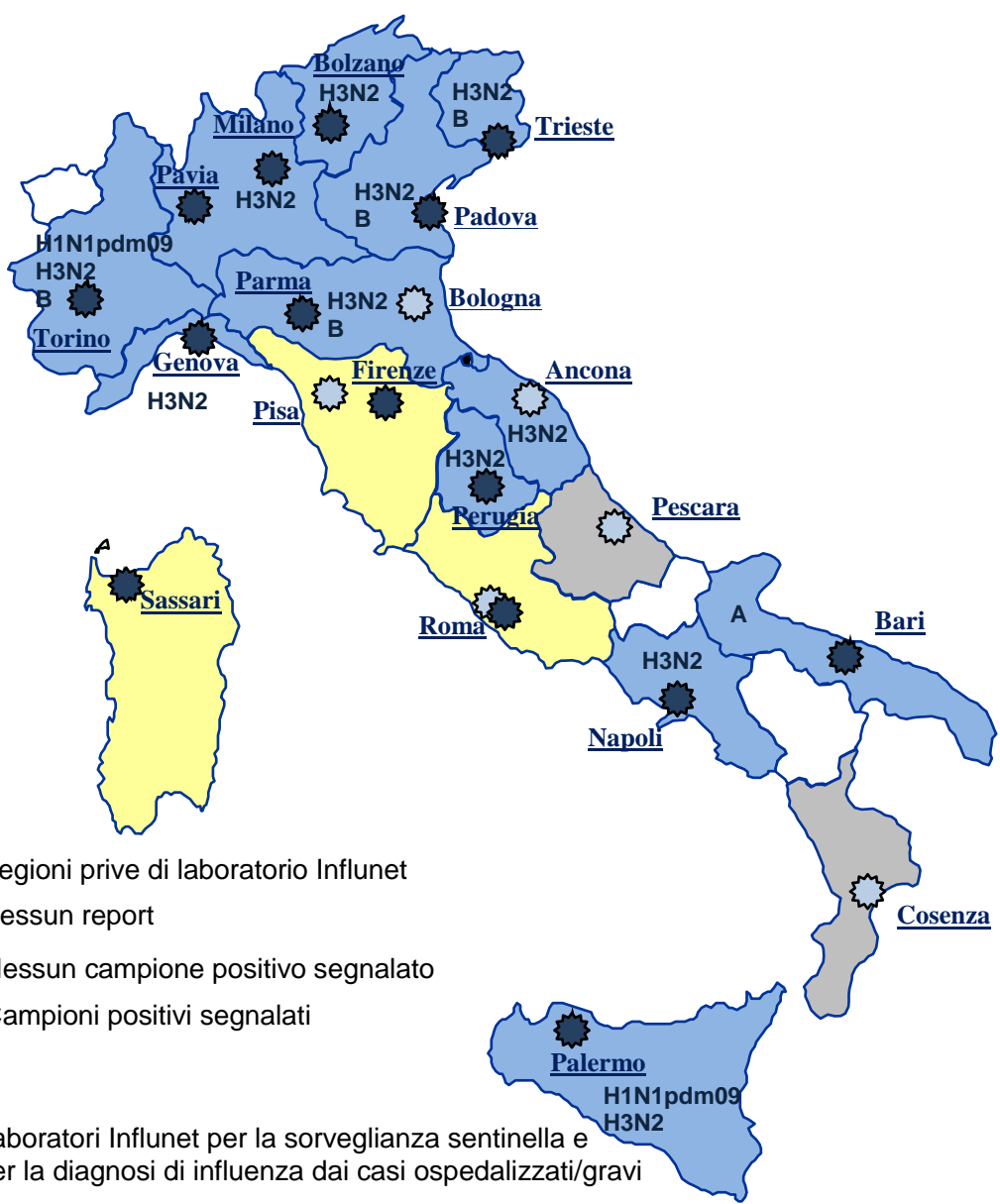
In tabella 1 sono elencati i laboratori che hanno comunicato, in questa settimana, i dati relativi alle indagini di laboratorio.

In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2016-7/2017).

**Tabella 1** Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 7<sup>a</sup> settimana del 2017

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	AO Ospedali Riuniti	P. Bagnarelli
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
GENOVA	UNIVERSITA'	F. Ansaldi
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	R. Smeraglia
PADOVA	UNIVERSITA'	G. Palù
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Tramuto
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro





- Regioni prive di laboratorio Influnet
- Nessun report
- Nessun campione positivo segnalato
- Campioni positivi segnalati

- Laboratori Influnet per la sorveglianza sentinella e per la diagnosi di influenza dai casi ospedalizzati/gravi
- Laboratori Influnet per la diagnosi di influenza dai casi ospedalizzati/gravi

**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2016).

	46	47	48	49	50	51	52	1	2	3	4	5	6	7	TOT
<b>FLU A</b>	<b>12</b>	<b>22</b>	<b>49</b>	<b>81</b>	<b>155</b>	<b>268</b>	<b>354</b>	<b>403</b>	<b>438</b>	<b>405</b>	<b>359</b>	<b>228</b>	<b>159</b>	<b>85</b>	<b>3.018</b>
A	2	0	0	2	7	20	32	32	48	24	29	37	7	1	241
A(H3N2)	10	21	49	76	148	240	319	369	386	374	329	191	150	81	2.743
A(H1N1)pdm09		1		3		8	3	2	4	7	1		2	3	34
<b>FLU B</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>9</b>	<b>13</b>	<b>13</b>	<b>18</b>	<b>72</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>12</b>	<b>24</b>	<b>49</b>	<b>81</b>	<b>156</b>	<b>268</b>	<b>354</b>	<b>406</b>	<b>448</b>	<b>408</b>	<b>368</b>	<b>241</b>	<b>172</b>	<b>103</b>	<b>3.090*</b>

\*Su un totale di 8.622 campioni clinici raccolti

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

**Figura 1** Andamento settimanale dei campioni positivi della presente stagione rispetto alla stagione 2015/2016

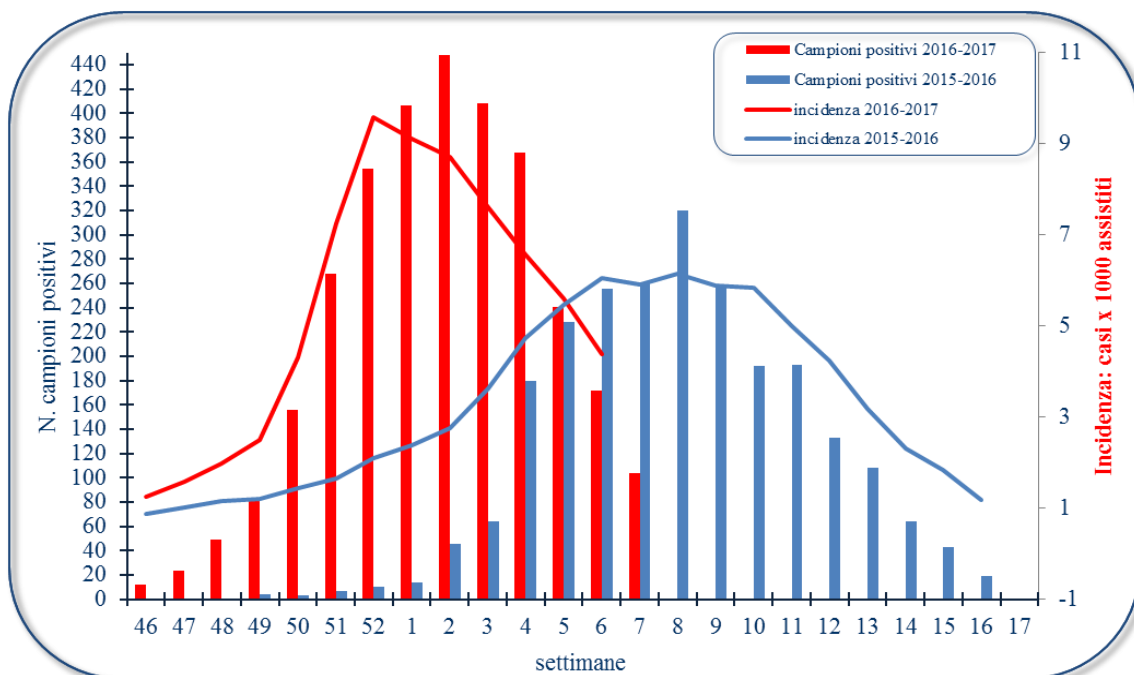
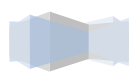
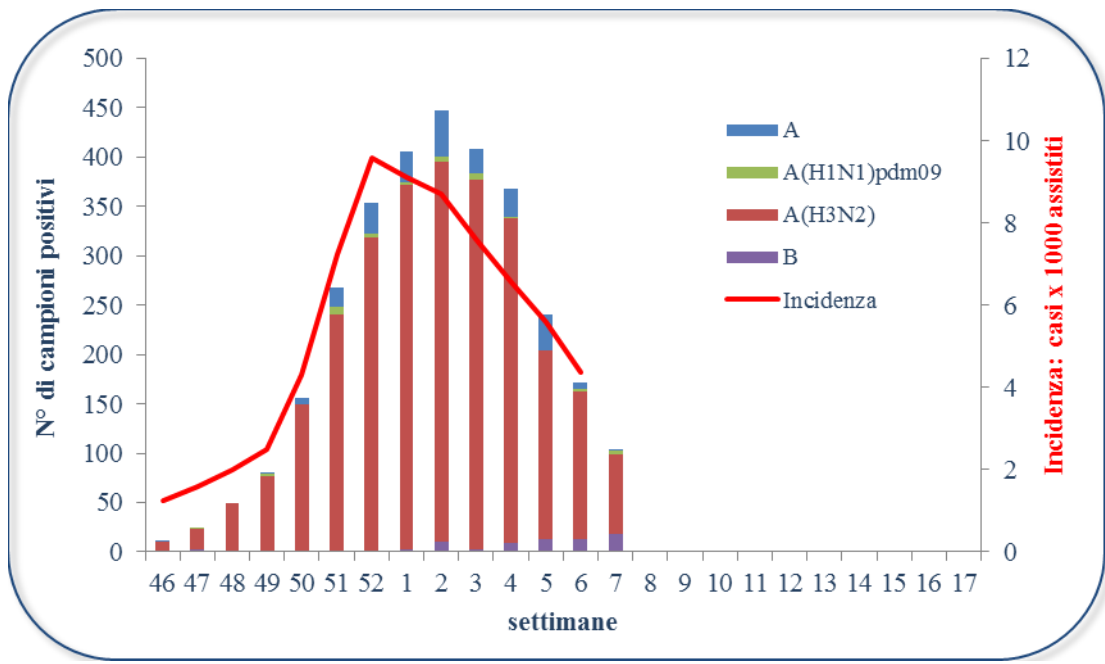


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2016/2017)



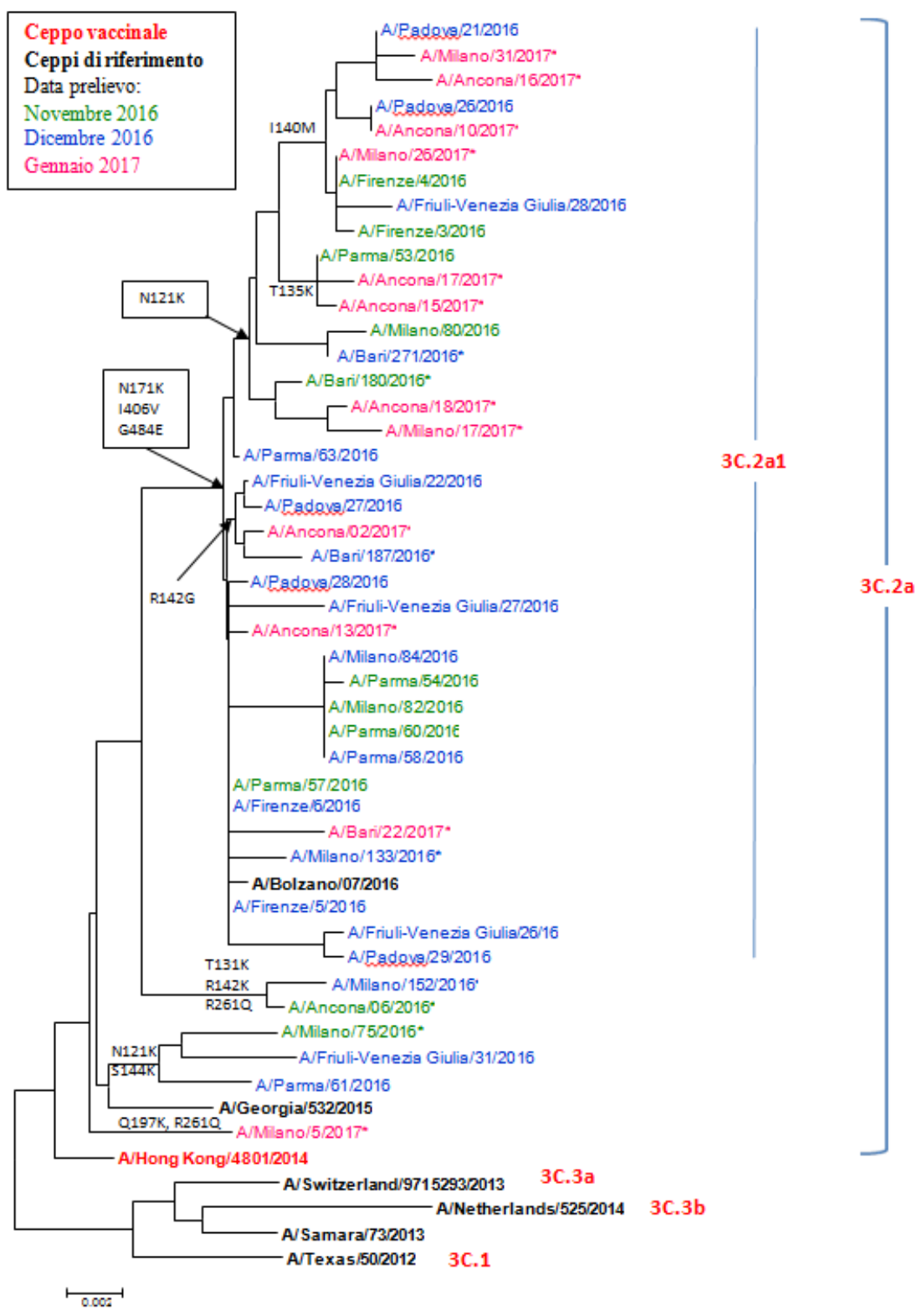
## ANALISI FILOGENETICA DI VIRUS INFLUENZALI A(H3N2) CIRCOLANTI IN ITALIA NELLA STAGIONE 2016/2017

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di una selezione di virus influenzali A(H3N2) isolati in Italia nella presente stagione è riportata in Figura 3. Si evidenzia l'appartenenza di tutti i ceppi analizzati al gruppo genetico **3C.2a**, a cui appartiene anche il ceppo vaccinale A/Hong Kong/4801/2014. Tuttavia, la maggior parte di tali ceppi si inserisce nel nuovo sottogruppo genetico **3C.2a1** (ceppo di riferimento: A/Bolzano/07/2016), caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive N171K, I406V e G484E, in molti casi associate anche alla mutazione N121K. In alcuni virus si evidenziano ulteriori sostituzioni quali T135K o I140M.

Continuano ad essere segnalati problemi associati alla caratterizzazione antigenica dei virus appartenenti a tali raggruppamenti genetici, a causa di una ridotta/assente capacità di agglutinare i globuli rossi di diverse specie animali.



**Figura 3.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di un rappresentativo numero di virus umani di sottotipo A(H3N2) in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

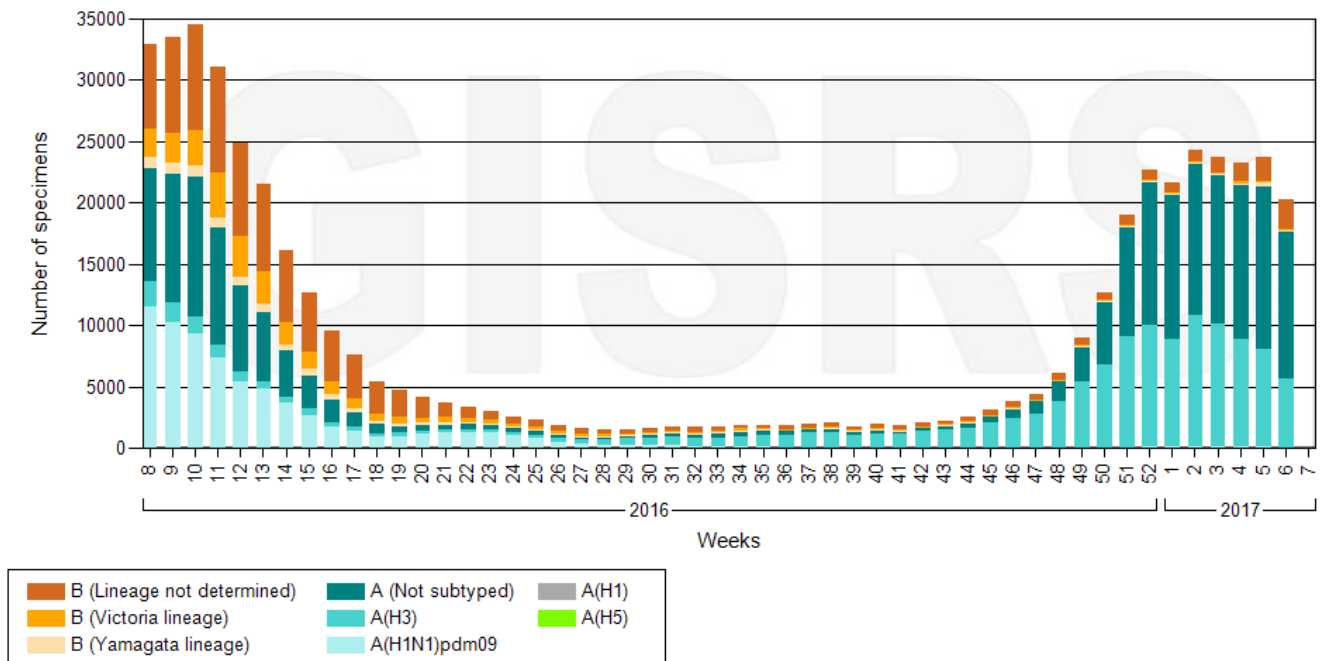
## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

La circolazione dei virus influenzali nell'emisfero Nord risulta ancora elevata. I virus A(H3N2) sono sempre predominanti (97%).

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla settimana di sorveglianza 6/2017.

### Global circulation of influenza viruses

Number of specimens positive for influenza by subtype



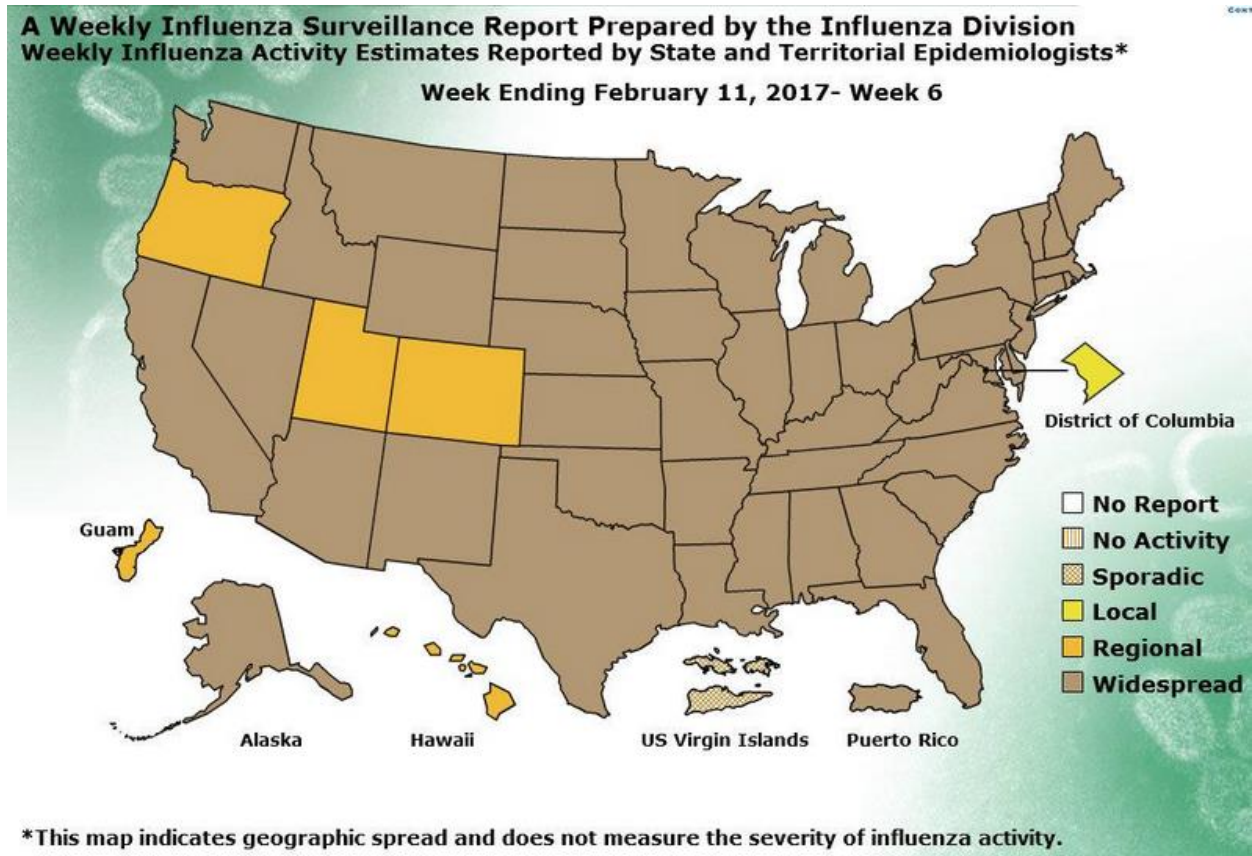
Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (20 febbraio 2017) e relativo a circa 155.000 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 23 gennaio e il 5 febbraio 2017, 40.292 (26%) sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 36.922 (91.6%) appartenevano al tipo A e 3.370 (8.4%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 418 (2.9%) erano H1N1pdm09 e 14.024 (97.1%) H3N2. Nell'ambito dei virus B identificati, 332 (62.8%) appartenevano al lineaggio Yamagata e 197 (37.2%) al lineaggio Victoria.





## USA

La circolazione dei virus influenzali registra un ulteriore incremento durante la settimana 6/2017 ed i virus A(H3N2) continuano ad essere prevalenti.



In particolare, nella settimana di sorveglianza 6/2017, sono stati testati **2.918** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e 1.732 (**59%**) sono risultati positivi al virus influenzale, prevalentemente di tipo A (88,2%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato dominante (93,6%) rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (2%).

	Week 6	Data Cumulative since October 2, 2016 (Week 40)
<b>No. of specimens tested</b>	<b>2.918</b>	<b>43.567</b>
<b>No. of positive specimens</b>	<b>1.732</b>	<b>18.965</b>
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
<b>Influenza A</b>	<b>1.528 (88,2%)</b>	<b>17.389 (91,7%)</b>
H1N1pdm09	30 (2,0%)	414 (2,4%)
H3	1.430 (93,6%)	16.687 (96,0%)
Subtyping not performed	68 (4,5%)	288 (1,7%)
<b>Influenza B</b>	<b>204 (11,8%)</b>	<b>1.576 (8,3%)</b>
Yamagata lineage	112 (54,9%)	678 (43,0%)
Victoria lineage	44 (21,6%)	533 (33,8%)
Lineage not performed	48 (23,5%)	365 (23,2%)

Il CDC riporta che, nell'ambito dei 1.058 ceppi finora caratterizzati geneticamente:

- 126/126 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenenti al sottogruppo genetico 6B.1;
- 653/681 (96%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (3C.2a); 28/681 (4%) sono risultati correlati al sottogruppo 3C.3a;
- 251 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 130 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3, lineaggio B/Yamagata), mentre 121 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008-like (*clade* 1A, lineaggio B/Victoria).



A partire dal 1° ottobre 2016, sono state finora effettuate 541 caratterizzazioni antigeniche:

- 74/74 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 311/322 (96,6%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati, con saggi HI o di neutralizzazione, sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (ceppo vaccinale per la stagione 2016/2017 nell'emisfero Nord); 8 dei restanti 11 ceppi sono risultati maggiormente correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013 (sottogruppo 3C.3a);
- 145 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 67 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata), mentre 71 su 78 ceppi (91%) del lineage B/Victoria sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008-*like*.

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



## EUROPA

L'ECDC (TESSy) riporta ancora una elevata circolazione di virus influenzali. La percentuale di campioni risultati positivi all'influenza nell'ambito della sorveglianza sentinella è in leggera diminuzione (42%). Tra le identificazioni virali continuano a prevalere i virus di tipo A (92%), con il sottotipo H3N2 prevalente (99%).

Nella 7<sup>a</sup> settimana, vengono riportati finora i dati relativi a 5.836 identificazioni virali. In particolare:

- 4.866 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi, 11 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 1.699 come H3N2. Ulteriori 3.156 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 970 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 50 sono stati caratterizzati come appartenente al lineaggio B/Yamagata e 17 al lineaggio B/Victoria. I rimanenti 903 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 7, 2017

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	487	4379	14720	87162
A(H1)pdm09	3	8	145	268
A (subtyping not performed)	78	3078	2183	53306
A (H3)	406	1293	12389	33585
Influenza B	91	879	789	4761
B(Vic) lineage	6	11	188	196
B(Yam) lineage	23	27	187	353
Unknown lineage	62	841	414	4212
<b>Total</b>	<b>578</b>	<b>5258</b>	<b>15509</b>	<b>91923</b>

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2017-02-22. Page: 1 of 1.  
 The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2017-02-22 at 16:01

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 1.832 ceppi virali:

- 15 ceppi **H1N1pdm09** sono stati analizzati. Di questi, 10 sono risultati correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale per l'emisfero Sud (stagione 2017), mentre 5 sono risultati correlati al ceppo A/South Africa/3626/2013 (sottogruppo 6B);



- 511/1682 (30,4%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 1148/1682 (68,3%) al nuovo sottogruppo 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016) e 18/1682 (1,1%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013); 5/1682 (0,2%) ceppi sono risultati appartenere ad altre categorie;
- 135 virus di tipo **B** sono stati analizzati; tra questi, 105 (77,8%) ceppi appartenenti al lineaggio Yamagata sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), mentre 30 (22,2%) ceppi appartenenti al lineaggio Victoria, sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* 1A).

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 703 ceppi virali:

- 6/9 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015, mentre gli altri al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 346/565 (61,2%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati all'attuale ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Hong Kong/4801/2014; 11/565 (1,9%) sono risultati correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013; per 208 ceppi non è stato possibile attribuire alcuna categoria antigenica;
- 129 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 39 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 e 7 al ceppo B/Massachusetts/02/2012 (lineaggio B/Yamagata). Nell'ambito del lineaggio B/Victoria, 83 ceppi sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008.

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

