



NIC - MINF  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - M.I.P.I.

MIPI 01/02/2017-0000113



Documento Interno N. R1D

# Rapporto N. 11 del 1 febbraio 2017

## Settimana 4/2017

### CENTRO NAZIONALE INFLUENZA/NIC-MINF

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



## ITALIA

Durante la settimana 4/2017 sono stati raccolti **848** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e di questi, **314 (37%)** sono risultati positivi al virus influenzale. In particolare, 308 sono risultati di tipo A (278 H3N2, 1 H1N1pdm09 e 29 A non ancora sottotipizzati) e 6 di tipo B.

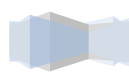
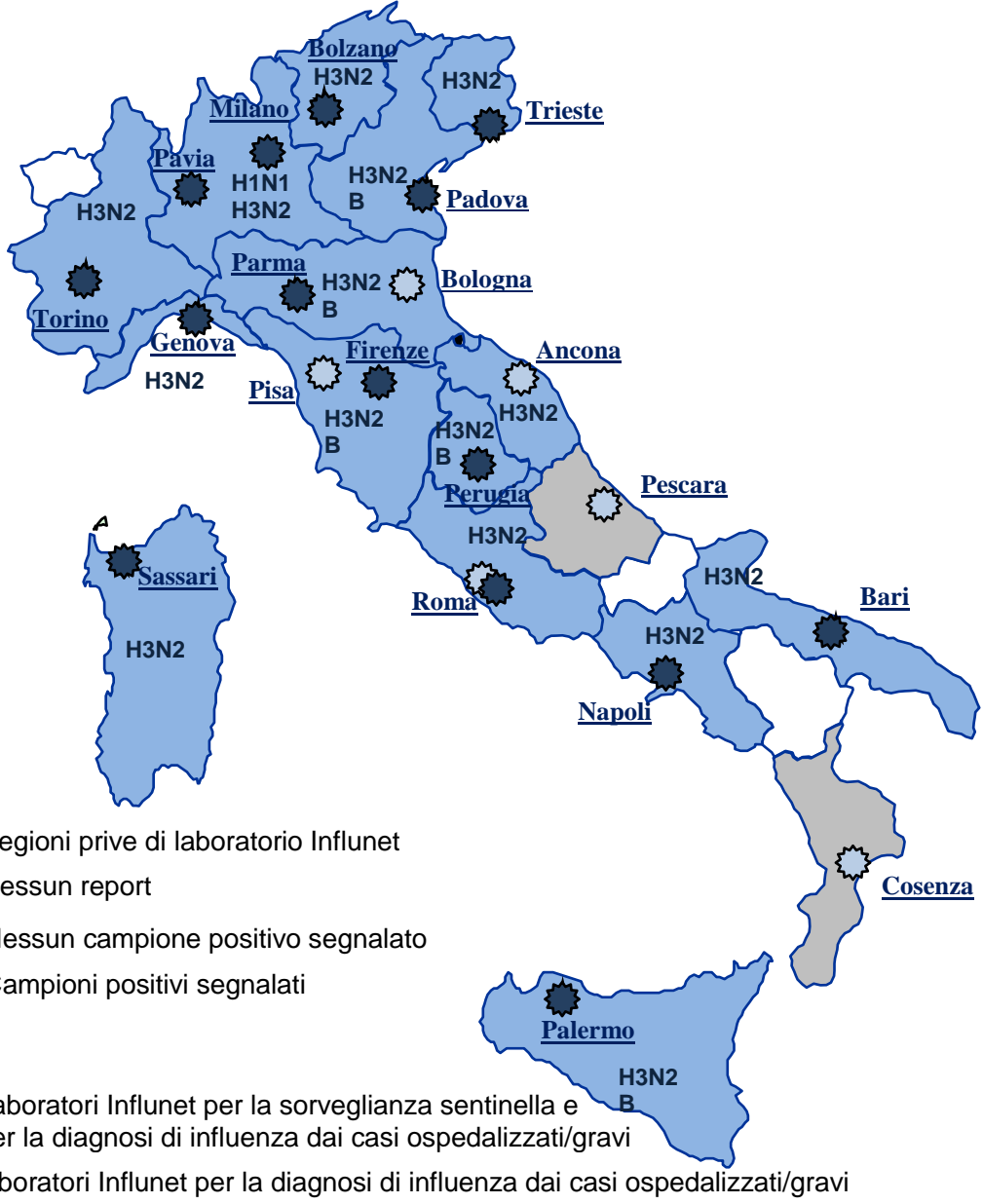
In tabella 1 sono elencati i laboratori che hanno comunicato, in questa settimana, i dati relativi alle indagini di laboratorio.

In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2016-4/2017).

**Tabella 1** Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 4<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. Vitale
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
ROMA	IRCCS "L. Spallanzani"	M. Capobianchi
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro





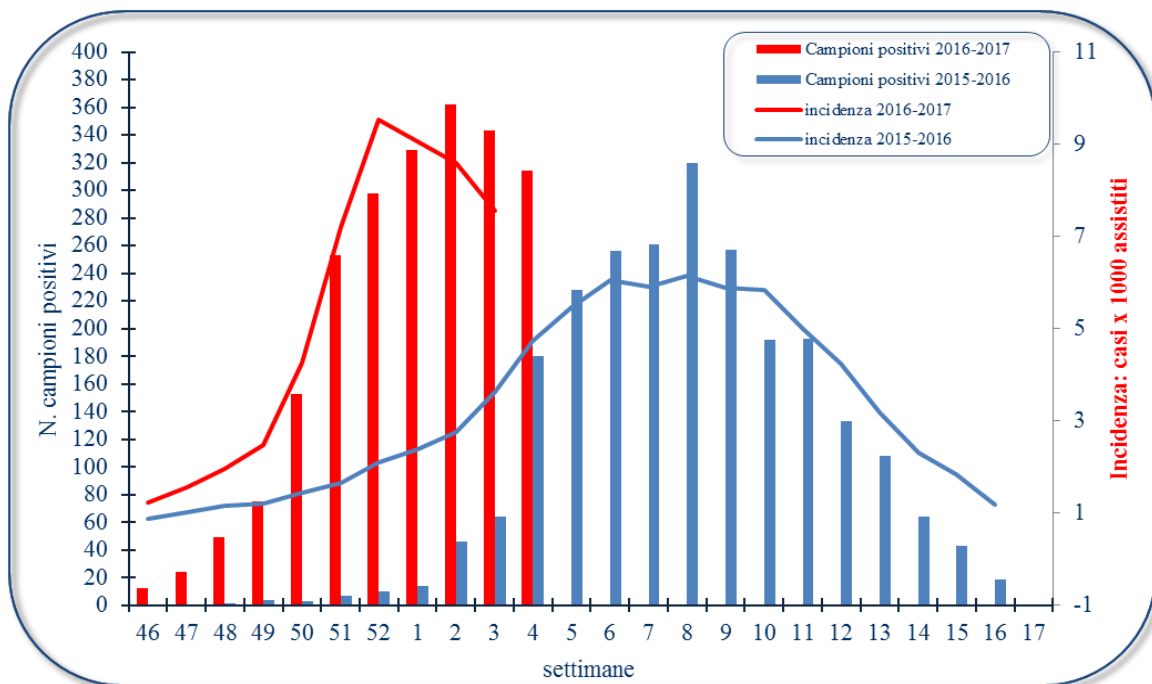
**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2016).

	46	47	48	49	50	51	52	1	2	3	4	TOT
<b>FLU A</b>	<b>12</b>	<b>22</b>	<b>49</b>	<b>75</b>	<b>152</b>	<b>253</b>	<b>298</b>	<b>326</b>	<b>356</b>	<b>342</b>	<b>308</b>	<b>2.193</b>
A	2	0	1	2	9	25	37	61	55	33	29	<b>254</b>
A(H3N2)	10	21	48	70	143	221	258	264	298	305	278	<b>1.916</b>
A(H1N1)pdm09	0	1	0	3	0	7	3	1	3	4	1	<b>23</b>
<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>6</b>	<b>3</b>	<b>6</b>	<b>21</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>12</b>	<b>24</b>	<b>49</b>	<b>75</b>	<b>153</b>	<b>253</b>	<b>298</b>	<b>329</b>	<b>362</b>	<b>345</b>	<b>314</b>	<b>2.214*</b>

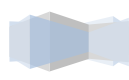
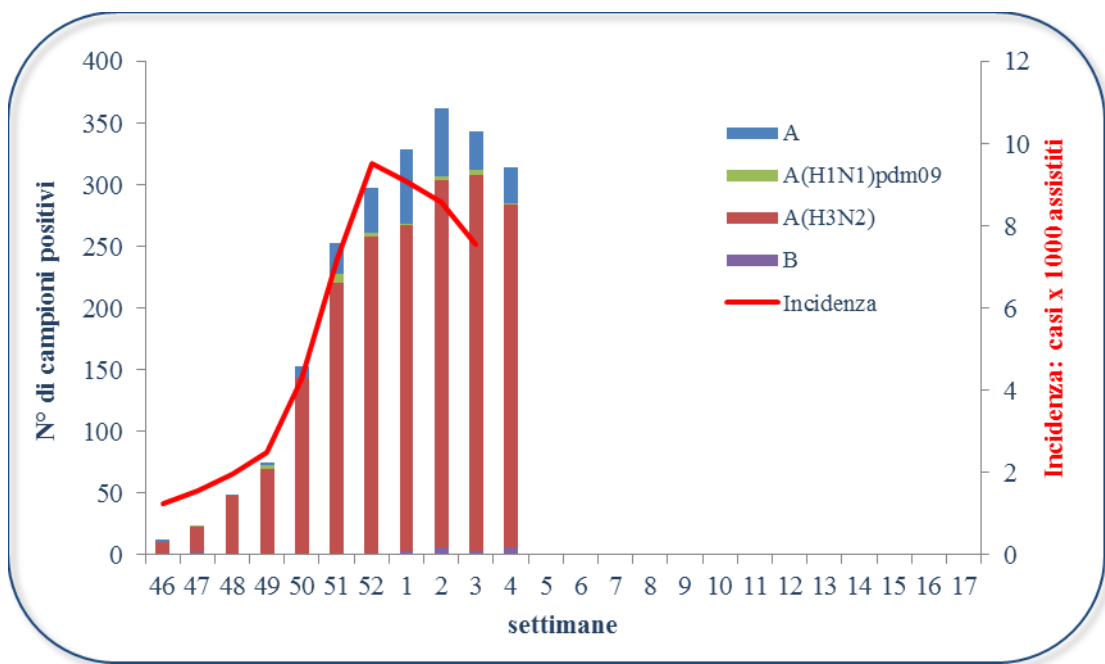
\*Su un totale di 6.069 campioni clinici raccolti

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)



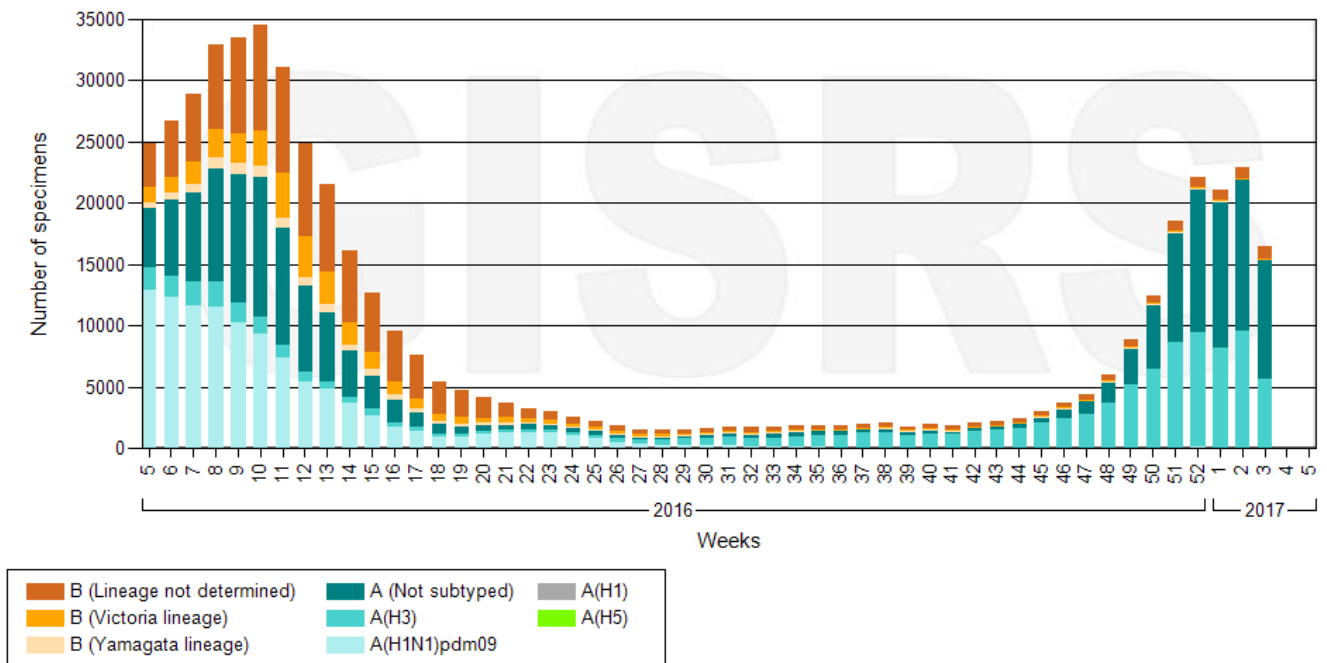
## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

La circolazione dei virus influenzali nell'emisfero Nord risulta ancora elevata, con i ceppi A(H3N2) sempre predominanti.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla settimana di sorveglianza 3/2017.

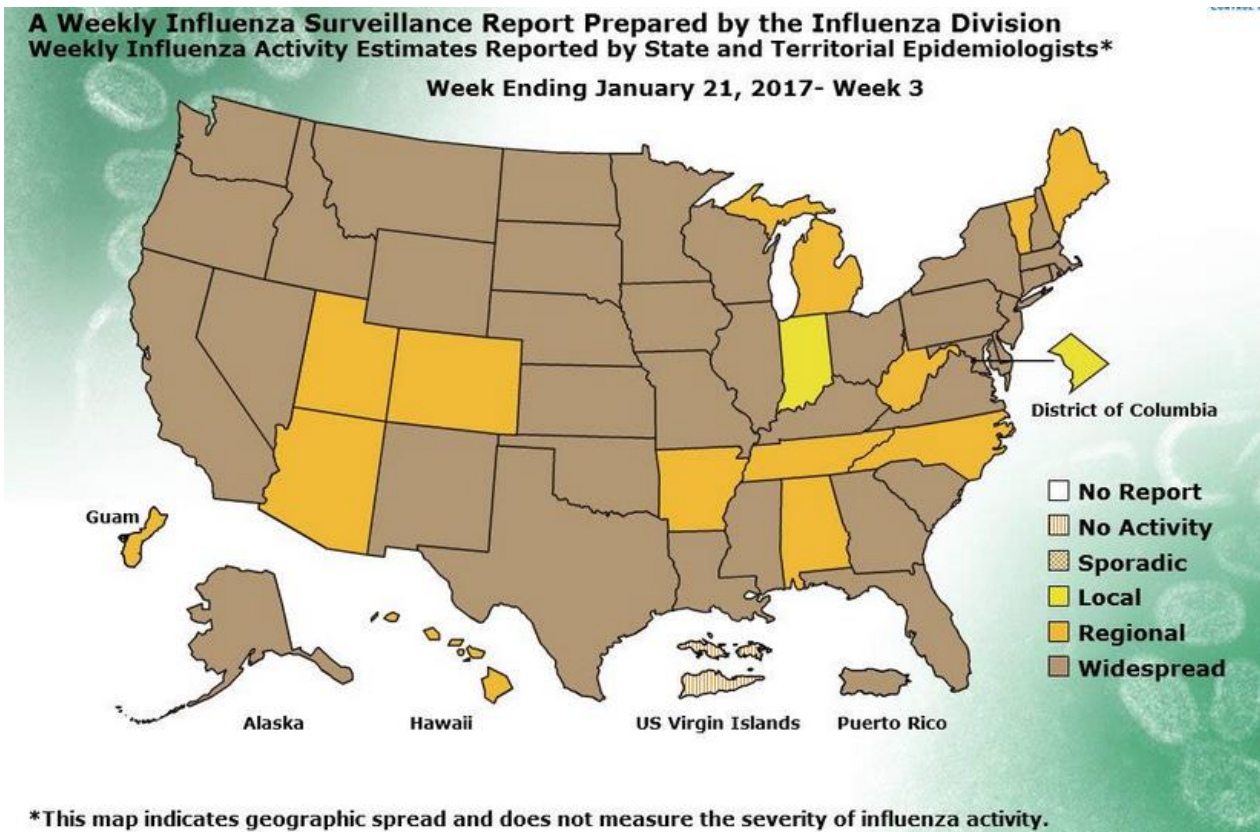
### Global circulation of influenza viruses

Number of specimens positive for influenza by subtype



## USA

La circolazione dei virus influenzali registra un ulteriore incremento ed i virus A(H3N2) continuano ad essere prevalenti.



In particolare, nella settimana di sorveglianza 3/2017, sono stati testati **2.096** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e 1.150 (**55%**) sono risultati positivi al virus influenzale, prevalentemente di tipo A (93,2%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato dominante (91,4%) rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (1,7%).

	Week 3	Data Cumulative since October 2, 2016 (Week 40)
No. of specimens tested	<b>2.096</b>	<b>29.277</b>
No. of positive specimens	<b>1.150</b>	<b>10.529</b>
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	<b>1.072 (93,2%)</b>	<b>9.807 (93,1%)</b>
H1N1pdm09	<b>18 (1,7%)</b>	<b>258 (2,6%)</b>
H3	<b>980 (91,4%)</b>	<b>9.329 (95,1%)</b>
Subtyping not performed	<b>74 (6,9%)</b>	<b>220 (2,2%)</b>
Influenza B	<b>78 (6,8%)</b>	<b>722 (6,9%)</b>
Yamagata lineage	<b>35 (44,9%)</b>	<b>249 (34,5%)</b>
Victoria lineage	<b>20 (25,6%)</b>	<b>271 (37,5%)</b>
Lineage not performed	<b>23 (29,5%)</b>	<b>202 (28,0%)</b>

Il CDC riporta che, nell'ambito dei 600 ceppi finora caratterizzati geneticamente:

- 70/70 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenenti al sottogruppo genetico 6B.1;
- 409/428 (96%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (3C.2a); 19/428 (4%) sono risultati correlati al sottogruppo 3C.3a;
- 102 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 45 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3, lineaggio B/Yamagata), mentre 57 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 298 caratterizzazioni antigeniche:

- 37/37 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 192/201 (95%) 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); 6 dei restanti 9 ceppi sono risultati maggiormente correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013 (sottogruppo 3C.3a);
- 60 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 28 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata), mentre 29 su 32 ceppi (90,6%) 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. Trentadue dei 43 Paesi che hanno comunicato i dati in questa settimana riportano un ulteriore incremento nella circolazione virale. La proporzione di campioni risultati positivi all'influenza, nell'ambito della sorveglianza sentinella, è il 49%. I virus di tipo A sono predominanti (97%) ed il sottotipo H3N2, nell'ambito dei ceppi A sottotipizzati, è ancora ampiamente prevalente (98%).

Nella 4<sup>a</sup> settimana, vengono riportati finora i dati relativi a 7.142 identificazioni virali. In particolare:

- 6.774 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi, 54 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 2.778 come H3N2. Ulteriori 3.942 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 368 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 28 sono stati caratterizzati come appartenente al lineaggio B/Yamagata e 10 al lineaggio B/Victoria. I rimanenti 330 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

### Total of Viral Detections in the Season up till Week 4, 2017

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	1047	5727	10857	64897
A(H1)pdm09	30	24	103	189
A (subtyping not performed)	282	3660	1726	41069
A (H3)	735	2043	9026	23637
Influenza B	40	328	462	2026
B(Vic) lineage	8	2	152	109
B(Yam) lineage	18	10	90	198
Unknown lineage	14	316	220	1719
<b>Total</b>	<b>1087</b>	<b>6055</b>	<b>11319</b>	<b>66923</b>

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2017-02-01. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2017-02-01 at 16:07



Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 921 ceppi virali:

- 7 ceppi **H1N1pdm09** sono stati analizzati. Di questi, 5 sono risultati correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale per l'emisfero Sud (stagione 2017), mentre 2 sono risultati correlati al ceppo A/South Africa/3626/2013 (sottogruppo 6B);
- 262/867 (30,2%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 601/867 (69,3%) al nuovo sottogruppo 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016) e 4/867 (0,5%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013);
- 47 virus di tipo **B** sono stati analizzati; di questi, 30 appartenenti al lineaggio Yamagata sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), mentre 17 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** 289 ceppi virali:

- 2/3 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015, mentre l'altro al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 208/215 (96,7%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati all'attuale ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Hong Kong/4801/2014; 6/215 (2,8%) sono risultati correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013; per un ceppo non è stato possibile attribuire alcuna categoria antigenica;
- 71 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 10 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 e 2 al ceppo B/Massachusetts/02/2012 (lineaggio B/Yamagata); per 3 ceppi non è stato possibile attribuire alcuna categoria antigenica. Nell'ambito del lineaggio B/Victoria, 30 ceppi sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008, mentre per i restanti 26 ceppi non è stato possibile attribuire una categoria antigenica.



- ✓ Dai risultati delle caratterizzazioni molecolari sopra riportate emerge quindi che, nell'ambito dei virus A(H3N2), il nuovo sottogruppo genetico **3C.2a1** (ceppo di riferimento: A/Bolzano/7/2016) rappresenta quasi il 70% dei virus attualmente circolanti in Europa. Tale sottogruppo è definito dalle sostituzioni aminoacidiche N171K, I406V e G484E nel gene HA, rispetto al ceppo vaccinale A/Hong Kong/4801/2014 (sottogruppo 3C.2a), spesso associate anche alla mutazione N121K.
- ✓ Il WHO e l'ECDC ribadiscono che i virus appartenenti a questi due sottogruppi genetici sono antigenicamente simili. Tuttavia, si evidenzia una rapida evoluzione genetica nell'ambito del *clade* 3C.2a1, con la comparsa di numerosi *clusters* definiti da ulteriori sostituzioni aminoacidiche nella HA, il cui impatto sulle caratteristiche antigeniche rimane ancora da chiarire.

