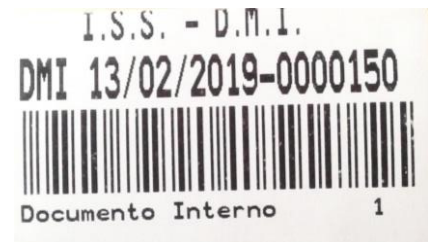




NIC - DMI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



# Rapporto N. 13 del 13 febbraio 2019

**Settimana 06/2019**

**CENTRO NAZIONALE INFLUENZA/NIC-DMI**

Responsabile: Maria Rita Castrucci

### **Gruppo di lavoro:**

Simona Puzelli  
Angela Di Martino  
Marzia Facchini  
Laura Calzoletti  
Concetta Fabiani  
Giuseppina Di Mario



## ITALIA

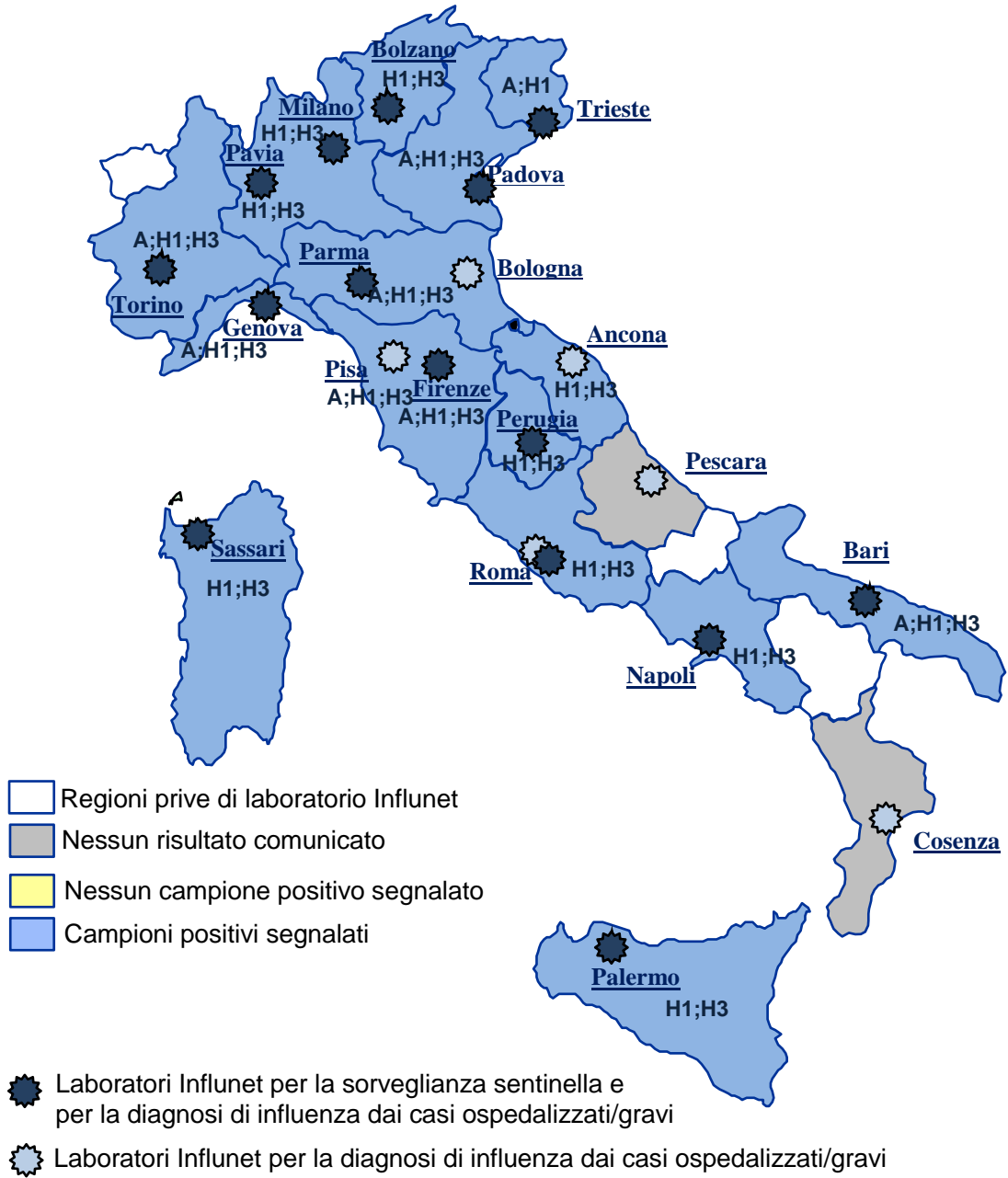
Durante la settimana 06/2019 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **1.563** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e, tra i **1.486** analizzati, **682 (46%)** sono risultati positivi al virus influenzale, tutti di tipo **A**. In particolare, 283 sono risultati appartenere al sottotipo **H1N1pdm09**, 249 al sottotipo **H3N2** e 150 non sono stati ancora sottotipizzati. Vengono, inoltre, segnalati due casi di co-infezione da virus A(H1N1)pdm09 e A(H3N2). Rimangono dunque, nel complesso, dominanti i ceppi di tipo A (99,8%), in prevalenza H1N1pdm09 (56%).

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, durante la 6<sup>a</sup> settimana del 2019. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2018-06/2019). 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.

**Tabella 1** Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 6<sup>a</sup> settimana del 2019

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

**Figura 1** Laboratori Influnet regionali che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 6<sup>a</sup> settimana del 2019



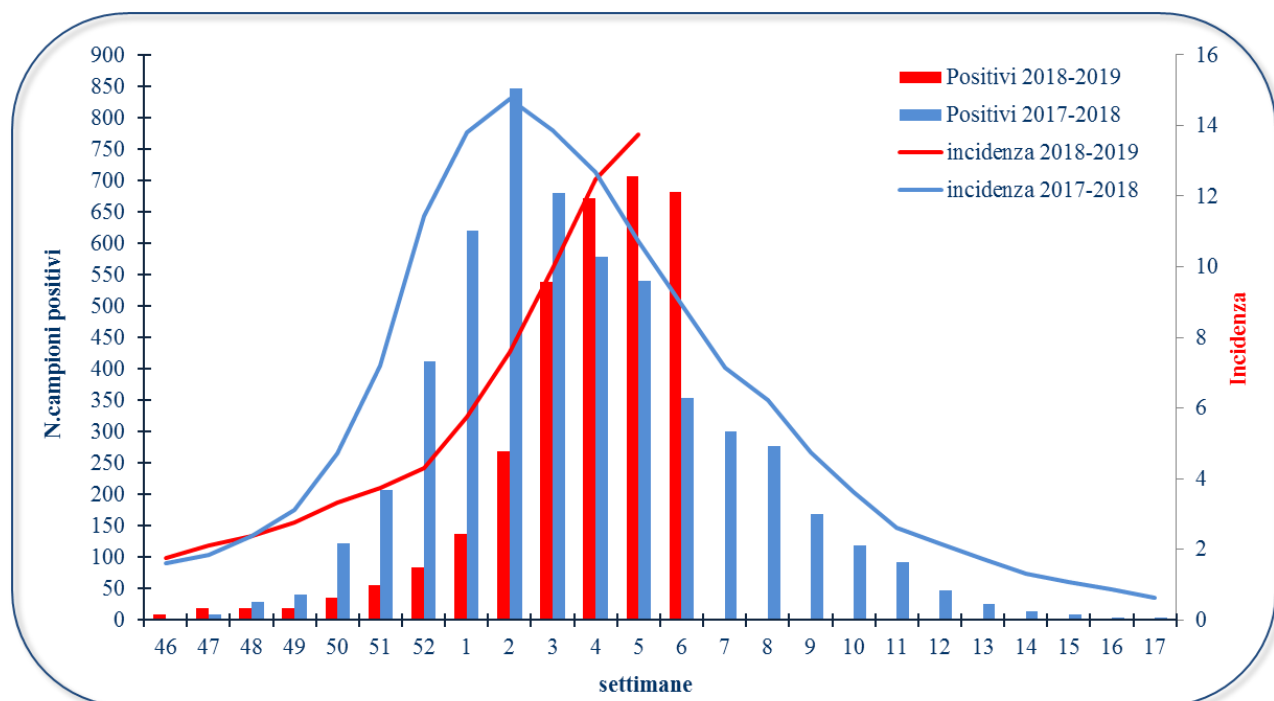
**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2018).

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	TOT
<b>FLU A</b>	<b>7</b>	<b>19</b>	<b>19</b>	<b>18</b>	<b>35</b>	<b>55</b>	<b>84</b>	<b>137</b>	<b>266</b>	<b>537</b>	<b>670</b>	<b>706</b>	<b>682</b>	<b>3235</b>
A	0	0	1	0	3	4	11	8	17	43	14	52	150	303
A(H3N2)	3	13	11	9	10	22	19	41	82	171	233	273	249	1136
A(H1N1)pdm2009	4	6	7	9	22	29	54	88	167	323	423	381	283	1796
<b>FLU B</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>7</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>8</b>	<b>19</b>	<b>19</b>	<b>18</b>	<b>35</b>	<b>55</b>	<b>84</b>	<b>137</b>	<b>269</b>	<b>539</b>	<b>671</b>	<b>706</b>	<b>682</b>	<b>3242*</b>

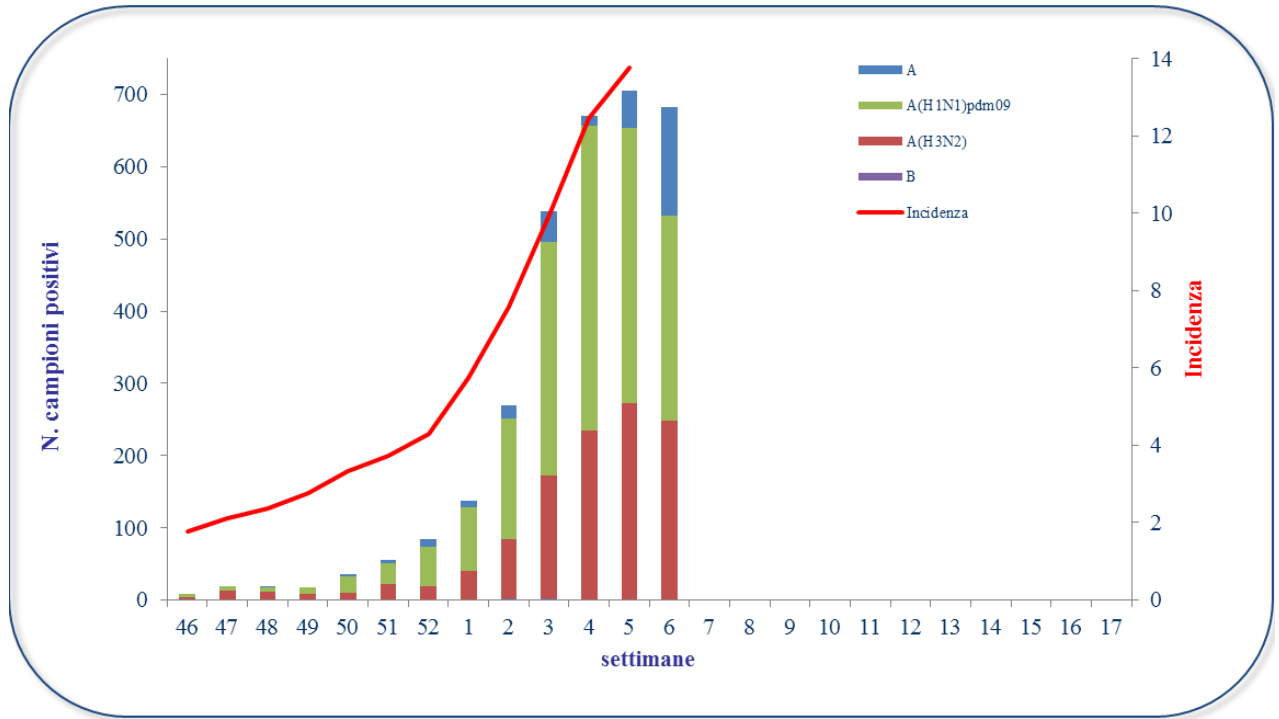
\*Su un totale di 10.958 campioni clinici analizzati

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 della presente stagione rispetto alla stagione 2017/2018



**Figura 3** Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2018/2019)



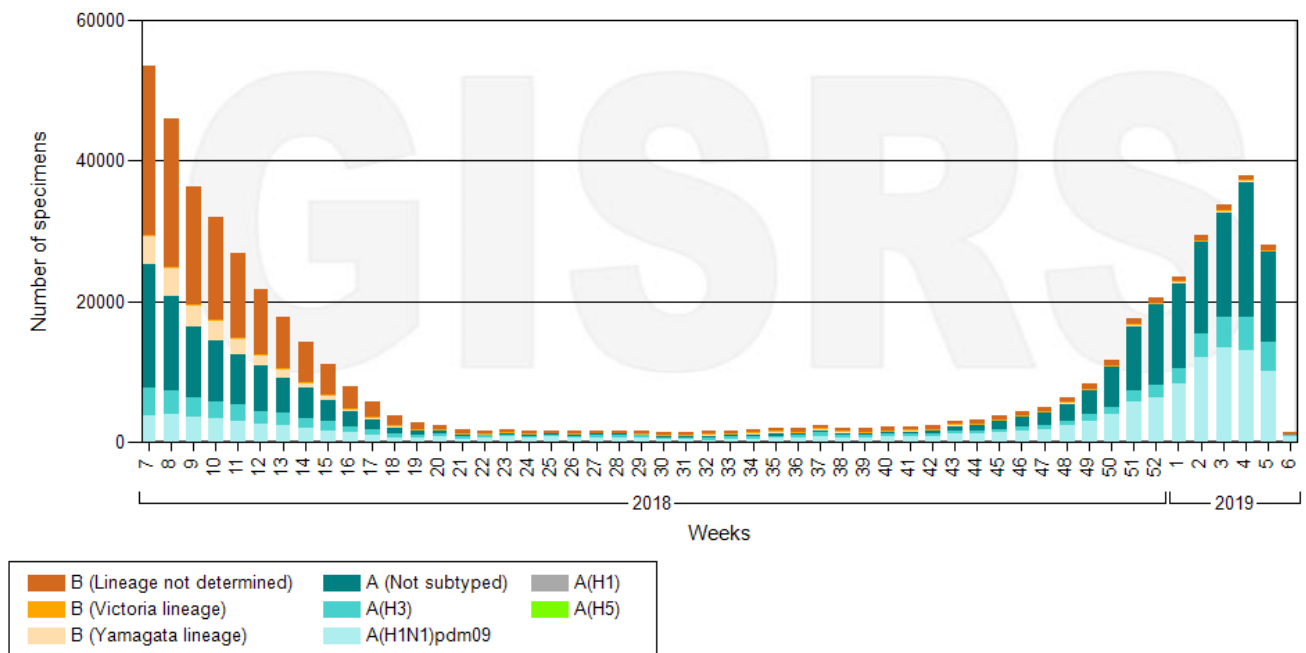
## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nelle zone temperate dell'emisfero Nord, la circolazione dei virus influenzali si mantiene elevata, con larga prevalenza dei ceppi influenzali appartenenti al tipo A.

Il grafico sottostante riporta la circolazione globale dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 6<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2019.

### Global circulation of influenza viruses

Number of specimens positive for influenza by subtype



## USA

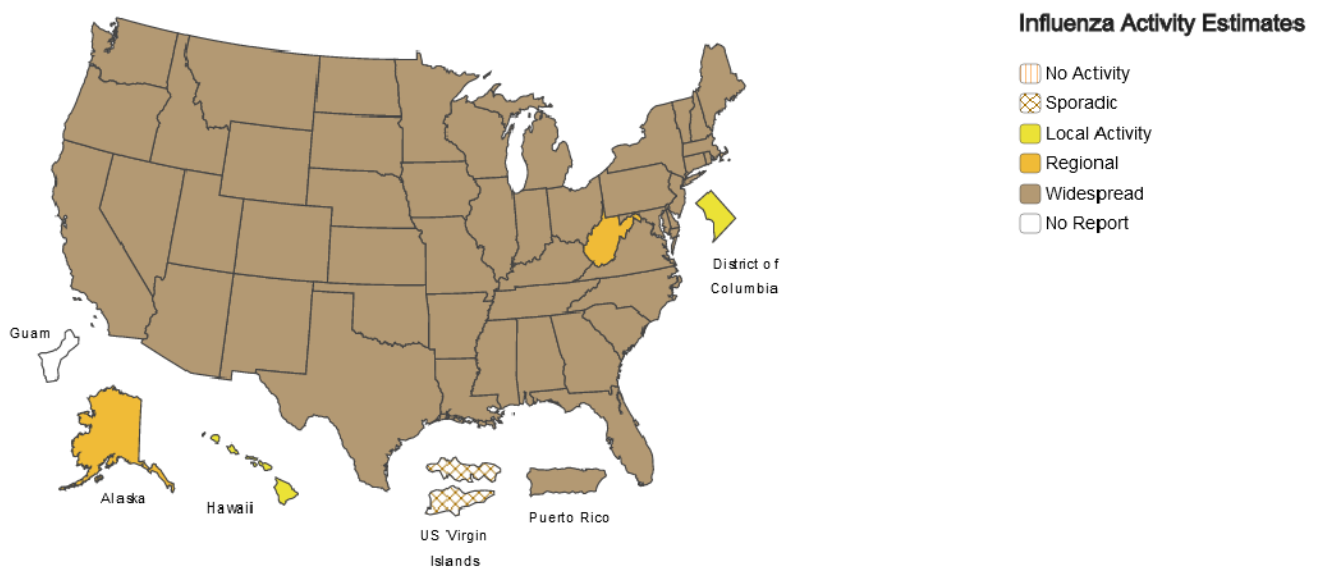
In tutti gli Stati Uniti, la circolazione dei virus influenzali ha subito un ulteriore incremento, come evidenziato nella mappa sottostante aggiornata al 2 febbraio 2019.

I virus influenzali di tipo A sono sempre largamente dominanti, in particolare quelli appartenenti al sottotipo H1N1pdm09.

### A Weekly Influenza Surveillance Report Prepared by the Influenza Division

Weekly Influenza Activity Estimates Reported by State and Territorial Epidemiologists\*

Week Ending Feb 02, 2019 - Week 5



\*This map indicates geographic spread and does not measure the severity of influenza activity.

In particolare, nella 5<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2019, sono stati testati **1.442** 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.

Di **843** campioni risultati positivi al virus influenzale il 98,3% appartiene al tipo A; prevale ancora il sottotipo H1N1pdm09 (65,0%), rispetto al sottotipo H3N2 (35,0%). Nell'ambito dei virus B (1,7%), su 14 ceppi identificati, 2 sono risultati appartenere al lineaggio Yamagata e 5 al lineaggio Victoria, mentre per altri 7 non è stato definito il lineaggio.

	Week 5	Data Cumulative since September 30, 2018 (Week 40)
No. of specimens tested	1,442	30,344
No. of positive specimens*	843	12,200
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
<b>Influenza A</b>	829 (98.3%)	11,863 (97.2%)
(H1N1)pdm09	524 (65.0%)	9,023 (80.0%)
H3N2	282 (35.0%)	2,261 (20.0%)
Subtyping not performed	23	579
<b>Influenza B</b>	14 (1.7%)	337 (2.8%)
Yamagata lineage	2 (28.6%)	143 (57.4%)
Victoria lineage	5 (71.4%)	106 (42.6%)
Lineage not performed	7	88

Il CDC riporta che nell'ambito dei 769 ceppi virali, raccolti tra il 30 settembre e il 2 febbraio 2019, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche o antigeniche:

- 450/450 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1. Di questi ceppi, 194 sono stati caratterizzati anche a livello antigenico e, tra questi, in 191 (98,5%) è stata evidenziata una stretta correlazione nei confronti del ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015;
- 55/239 (23%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* 3C.2a, 98/239 (41%) al sottogruppo 3C.2a1 e 86/239 (36%) al sottogruppo 3C.3a; 102/145 (70,3%) ceppi antigenicamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016



(3C.2a1) (ceppo vaccinale per la stagione 2018/2019 nell'Emisfero Nord) propagato in cellule, mentre per gli altri 43 virus analizzati (29,7%) è stata evidenziata una minore reattività nei confronti del suddetto ceppo vaccinale;

- 80 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 50 appartenenti al lineaggio Yamagata e 30 al lineaggio Victoria. Nell'ambito dei ceppi Yamagata, le analisi filogenetiche hanno evidenziato una stretta correlazione nei confronti del ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3); 33 ceppi, caratterizzati a livello antigenico, sono risultati correlati al suddetto ceppo vaccinale, incluso nella formulazione quadrivalente del vaccino per la stagione 2018/2019 nell'Emisfero Nord.

Tutti i ceppi Victoria sono risultati filogeneticamente appartenenti al *clade* 1A; in particolare, 10 ceppi (33%) sono risultati correlati filogeneticamente al *clade* 1A, mentre per altri 18 ceppi (60%) è stata evidenziata la delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA, tipica dei virus appartenenti al *sub-clade* V1A.1. In altri 2 ceppi (7%), infine, è stata evidenziata la delezione di 3 aminoacidi (162-164) in HA, tipica dei virus appartenenti al *sub-clade* V1A-3Del. Dal punto di vista antigenico, 16/22 (73%) virus B/Victoria analizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1), mentre gli altri 6 hanno mostrato una scarsa reattività nei confronti dell'antisiero di furetto ottenuto verso il suddetto ceppo vaccinale e sono risultati appartenenti al *clade* 1A.

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

## EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra un ulteriore incremento nella circolazione dei virus influenzali, nella maggior parte dei Paesi membri. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 5<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2019, è stata segnalata una positività del 54,7% al virus influenzale. La maggior parte dei virus identificati appartiene al tipo A, con co-circolazione di virus di sottotipo H1N1pdm09 e H3N2.

Nella 6<sup>a</sup> settimana del 2019, vengono riportati i dati relativi a **5.074** identificazioni virali.

In particolare:

- 5.050 virus sono risultati appartenere al tipo A: di questi 1842 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 1037 come H3N2. Ulteriori 2171 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 24 virus sono risultati appartenere al tipo B. Di questi, 5 sono stati caratterizzati come appartenenti al lineaggio B/Yamagata, mentre i rimanenti 19 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

### Total of Viral Detections in the Season up till Week 6, 2019

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	1360	3690	11735	72065
A(H1)pdm09	424	1418	4924	17337
A (subtyping not performed)	555	1616	3213	46039
A (H3)	381	656	3596	8681
Influenza B	15	9	135	773
B(Vic) lineage	0	0	8	13
B(Yam) lineage	5	0	37	16
Unknown lineage	10	9	90	744
<b>Total</b>	<b>1375</b>	<b>3699</b>	<b>11870</b>	<b>72838</b>

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2019-02-13. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2019-02-13 at 16:00

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2018, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 990 ceppi virali:

- 857/857 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo A/Michigan/45/2015;
- 85/125 ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016, mentre altri 32 al precedente ceppo vaccinale A/Hong Kong/4801/2014; 4 ceppi sono risultati correlati al nuovo ceppo vaccinale dell'emisfero Sud per il 2019, A/Switzerland/8060/2017, mentre per altri 4 virus non è stata attribuita la categoria;
- 8 ceppi B sono stati caratterizzati antigenicamente e 4 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013, lineaggio Yamagata, mentre 3 degli altri 4 ceppi, appartenenti al lineaggio Victoria, sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1); per uno non è stata ancora attribuita la categoria.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2018, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 1466 ceppi virali:

- 869/869 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale dell'emisfero Nord;
- 366/567 (65%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b ed 83/567 (15%) al sottogruppo 3C.3a. I rimanenti virus (20%) sono distribuiti nei vari sottogruppi 3C.2a1 (ceppo di riferimento vaccinale A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016), 3C.2a2 e 3C.2a; per 26 ceppi non è stata attribuita la categoria.
- Tra i 30 virus B analizzati, 17 appartenevano al lineaggio Yamagata e sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3); tra i 13 virus appartenenti al lineaggio Victoria, 2 sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* V1A), 5 al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*clade* V1A-2Del) e 5 al ceppo B/Hong Kong/269/2017 (*clade* V1A-3Del); per un altro ceppo non è stata attribuita la categoria.

Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali dell'[ECDC](#).