



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



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

DMI 13/03/2019-0000228



Documento Interno 1

Rapporto N. 17 del 13 marzo 2019

Settimana 10/2019

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 10/2019 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **929** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e, tra gli **886** analizzati, **261 (29,5%)** sono risultati positivi al virus influenzale, tutti di tipo **A**. In particolare, 40 sono risultati di sottotipo **H1N1pdm09**, 174 di sottotipo **H3N2** e 46 non sono stati ancora sottotipizzati. Viene, inoltre, segnalato un caso di co-infezione da virus A(H1N1)pdm09 e A(H3N2).

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 10^a settimana del 2019. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2018-10/2019). 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 10^a settimana del 2019

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	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
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 10^a settimana del 2019

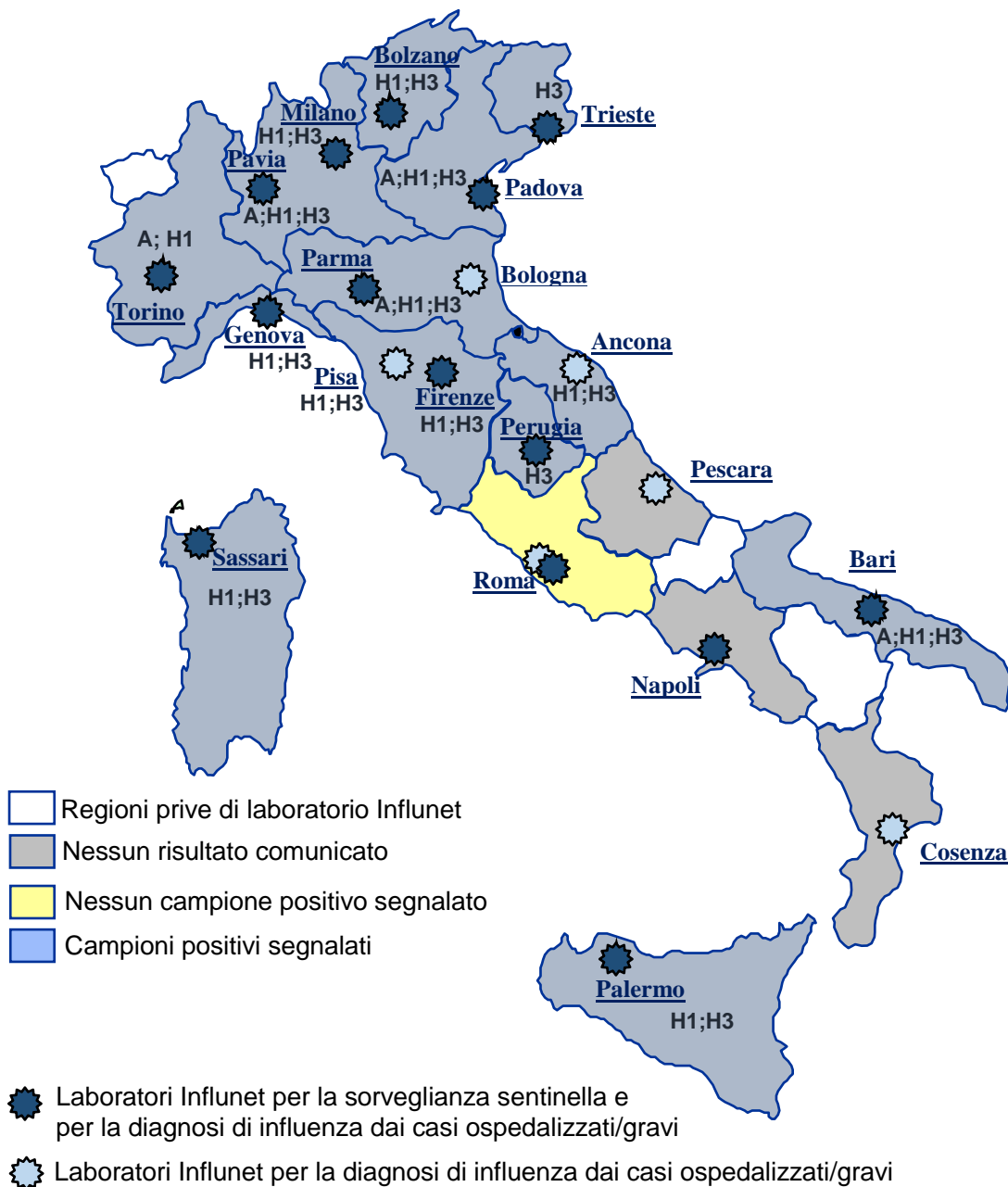


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2018).

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	TOT
FLU A	7	19	20	18	35	55	83	141	264	558	719	811	886	709	632	433	260	5650
A	0	0	1	0	0	1	6	3	15	42	21	69	85	28	105	75	46	497
A(H3N2)	3	13	11	9	10	22	19	41	80	176	251	304	376	361	311	260	174	2421
A(H1N1)pdm09	4	6	8	9	25	32	58	97	169	340	447	438	425	320	216	98	40	2732
FLU B	1	0	0	0	0	0	0	0	3	2	1	0	0	0	2	0	0	9
TOT POSITIVI	8	19	20	18	35	55	83	141	267	560	720	811	886	709	634	433	260	5659*

*Su un totale di 16.601 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

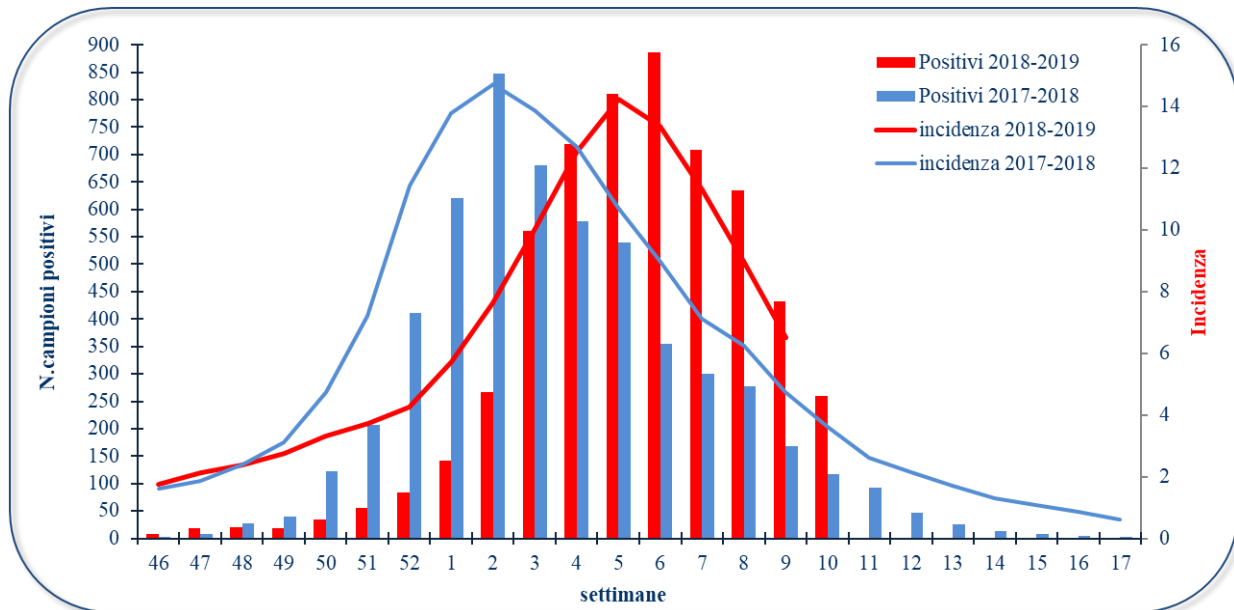
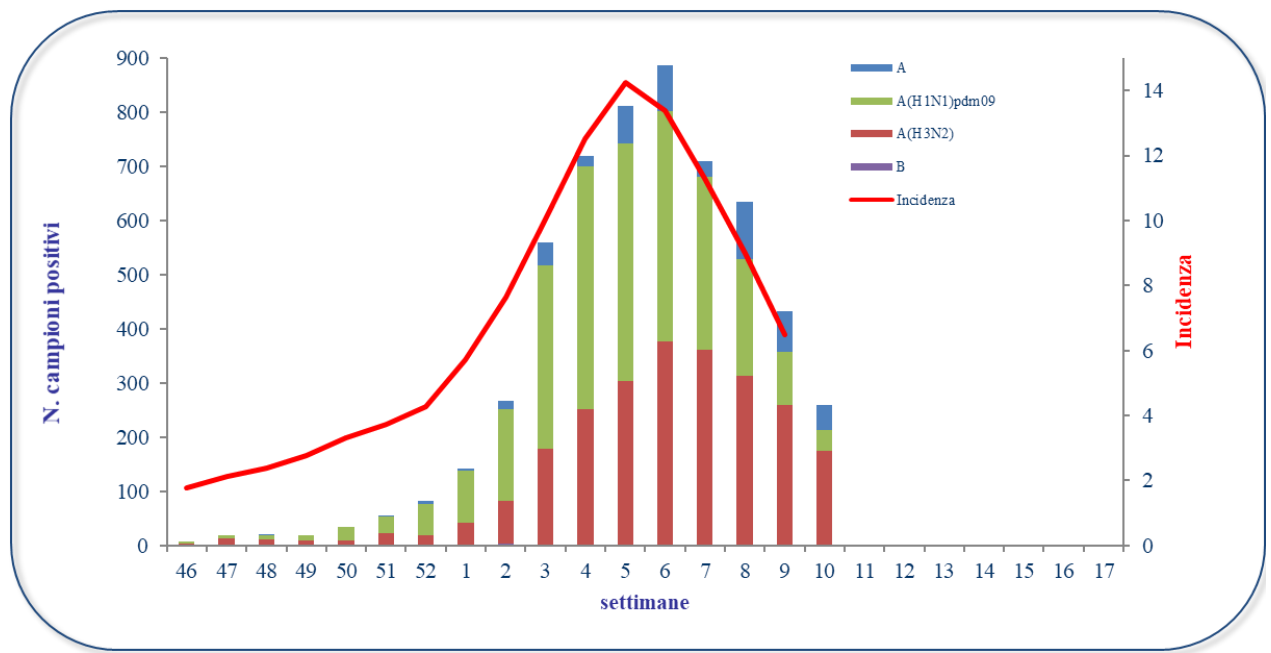


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2018/2019)

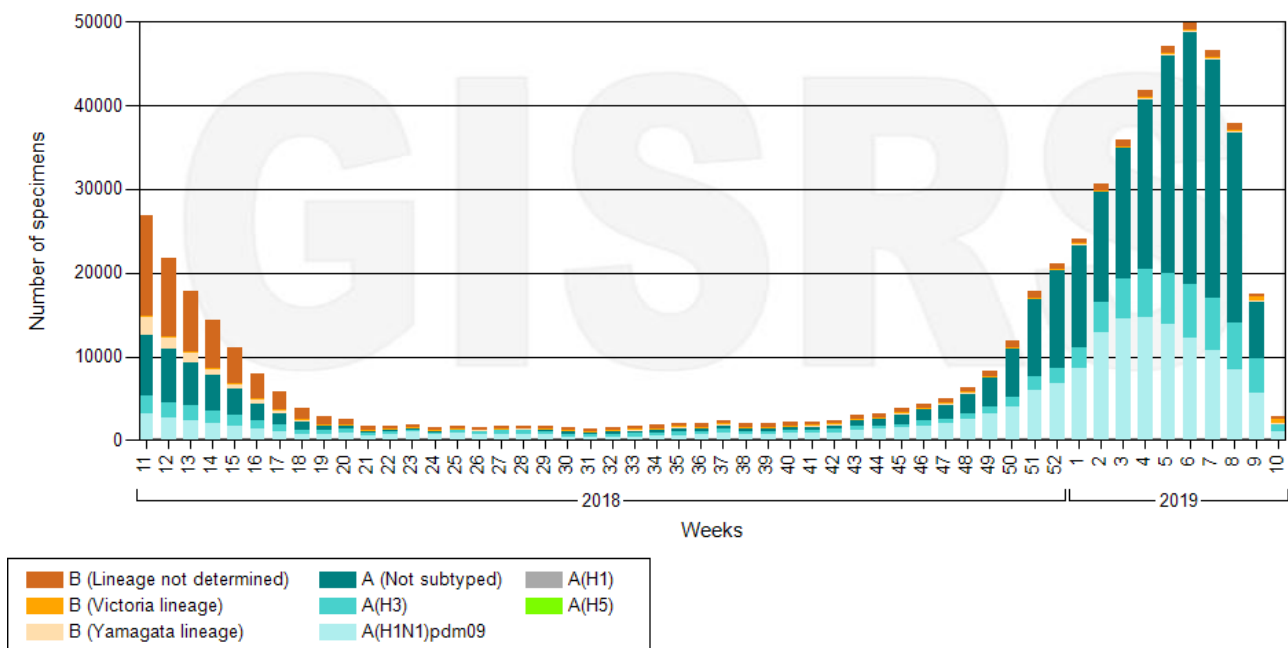


SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nelle zone temperate dell'emisfero Nord, la circolazione dei virus influenzali si mantiene elevata. I virus di tipo A sono nettamente prevalenti.

Il grafico sottostante riporta la circolazione globale dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 10^a settimana di sorveglianza del 2019.

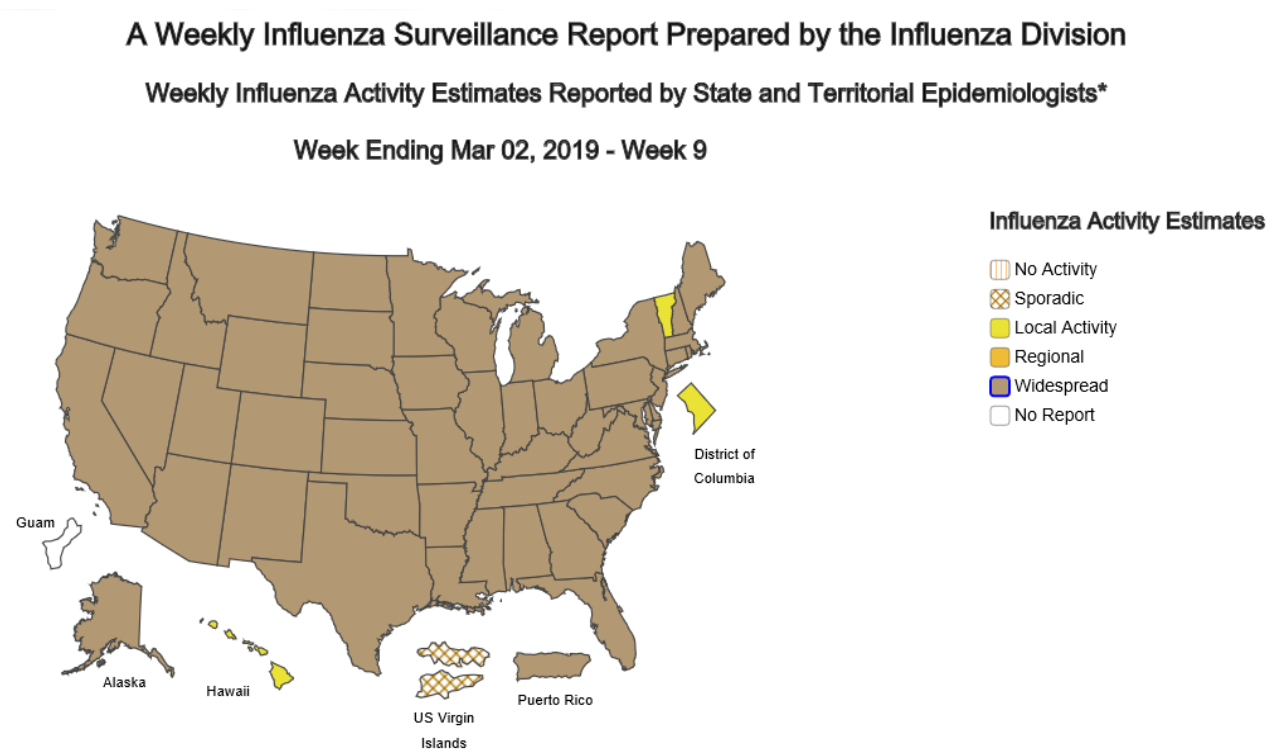
Number of specimens positive for influenza by subtype



USA

In tutti gli Stati Uniti, la circolazione dei virus influenzali si mantiene elevata, come evidenziato nella mappa sottostante aggiornata al 2 marzo 2019.

I virus influenzali di tipo A sono sempre largamente dominanti, con il sottotipo H3N2 prevalente sul sottotipo H1N1pdm09.



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

In particolare, nella 9^a settimana di sorveglianza del 2019, sono stati testati **1.995** 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 **1.209** campioni risultati positivi al virus influenzale il 98,1% appartiene al tipo A; con una prevalenza del sottotipo H3N2 (62%), rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (38%). Nell'ambito dei virus B (1,9%), su 23 ceppi identificati, 2 sono risultati appartenere al lineaggio Yamagata e 11 al lineaggio Victoria, mentre per altri 10 non è stato definito il lineaggio.

	Week 9	Data Cumulative since September 30, 2018 (Week 40)
No. of specimens tested	1,995	48,972
No. of positive specimens*	1,209	23,837
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	1,186 (98.1%)	23,284 (97.7%)
(H1N1)pdm09	429 (38.0%)	15,432 (69.6%)
H3N2	699 (62.0%)	6,725 (30.4%)
Subtyping not performed	58	1,127
Influenza B	23 (1.9%)	553 (2.3%)
Yamagata lineage	2 (15.4%)	205 (52.3%)
Victoria lineage	11 (84.6%)	187 (47.7%)
Lineage not performed	10	161

Il CDC riporta che nell'ambito dei 1.416 ceppi virali, raccolti tra il 30 settembre e il 2 marzo 2019, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche o antigeniche:

- 762/762 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1. Di questi ceppi, 264 sono stati caratterizzati anche a livello antigenico e, tra questi, in 260 (98,5%) è stata evidenziata una stretta correlazione nei confronti del ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015;
- 64/490 (13%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* 3C.2a, 135/490 (27,6%) al sottogruppo 3C.2a1 e 291/490 (59,4%) al sottogruppo 3C.3a; 138/224 (61,6%) 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 86 virus analizzati (38,4%) è stata evidenziata una minore reattività nei confronti del suddetto ceppo vaccinale: 85 (98,8%) di questi appartenevano al *clade* 3C.3a;
- 164 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 97 appartenenti al lineaggio Yamagata e 67 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); 75 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, 16 ceppi (24%) sono correlati al *clade* 1A, mentre per altri 44 ceppi (66%) è stata evidenziata la delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA,

tipica dei virus appartenenti al *sub-clade* V1A.1. In altri 7 ceppi (10%), 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, 44/54 (81,5%) virus B/Victoria analizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1), mentre gli altri 10 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) continua a registrare una elevata circolazione dei virus influenzali nella maggior parte dei Paesi membri. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 9^a settimana di sorveglianza del 2019, è stata segnalata una positività del 41,8% al virus influenzale. La maggior parte dei virus identificati appartiene al tipo A, con una leggera prevalenza di virus di sottotipo H1N1pdm09 rispetto ai virus di sottotipo H3N2.

Nella 10^a settimana del 2019, vengono riportati i dati relativi a **5.459** identificazioni virali.

In particolare:

- 5.398 virus sono risultati appartenere al tipo A: di questi 1.172 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 1.248 come H3N2. Ulteriori 2.978 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 61 virus sono risultati appartenere al tipo B: di questi 3 sono stati caratterizzati come B Yamagata mentre gli altri non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 10, 2019

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	571	4827	18506	148908
A(H1)pdm09	142	1030	8093	31473
A (subtyping not performed)	263	2715	4340	97991
A (H3)	166	1082	6069	19429
Influenza B	5	56	163	1140
B(Vic) lineage	0	0	8	21
B(Yam) lineage	3	0	47	19
Unknown lineage	2	56	108	1100
Total	576	4883	18669	150048

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2019-03-13. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2019-03-13 at 15:30

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2018, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 1.543 ceppi virali:

- 1450/1451 (99,9%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo A/Michigan/45/2015; per uno non è stata ancora attribuita la categoria;
- 220/289 (76%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016, mentre altri 53 al precedente ceppo vaccinale A/Hong Kong/4801/2014; 7 ceppi sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Sud per il 2019, A/Switzerland/8060/2017, mentre per altri 9 virus non è stata attribuita la categoria;
- 14 ceppi B sono stati caratterizzati antigenicamente e 8 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013, lineaggio Yamagata, mentre degli altri 6 ceppi, appartenenti al lineaggio Victoria, 3 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1), 2 al ceppo B/Brisbane/60/2008; 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** 1.736 ceppi virali:

- 1115/1115 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale dell'emisfero Nord;
- 577/861 (67%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b e 157/861 (18%) al sottogruppo 3C.3a. I rimanenti virus (12%) sono distribuiti nei vari sottogruppi 3C.2a1 (ceppo di riferimento vaccinale A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016), 3C.2a2 e 3C.2a; per 26 (3%) ceppi non è stata attribuita la categoria.
- Tra i 38 virus B analizzati, 20 appartenevano al lineaggio Yamagata e sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3); tra i 18 virus appartenenti al lineaggio Victoria, 3 sono risultati correlati al ceppo

B/Brisbane/60/2008 (*clade* V1A), 5 al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*clade* V1A-2Del) e 9 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](#).