



NIC - DMI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - D.M.I.  
DMI 31/01/2018-0000111  
  
Documento Interno DIR 1

# Rapporto N. 11 del 31 gennaio 2018

## Settimana 04/2018

**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



### In evidenza:

In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche finora condotte sulle emagglutinine (HA) dei virus influenzali A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2017/2018

## ITALIA

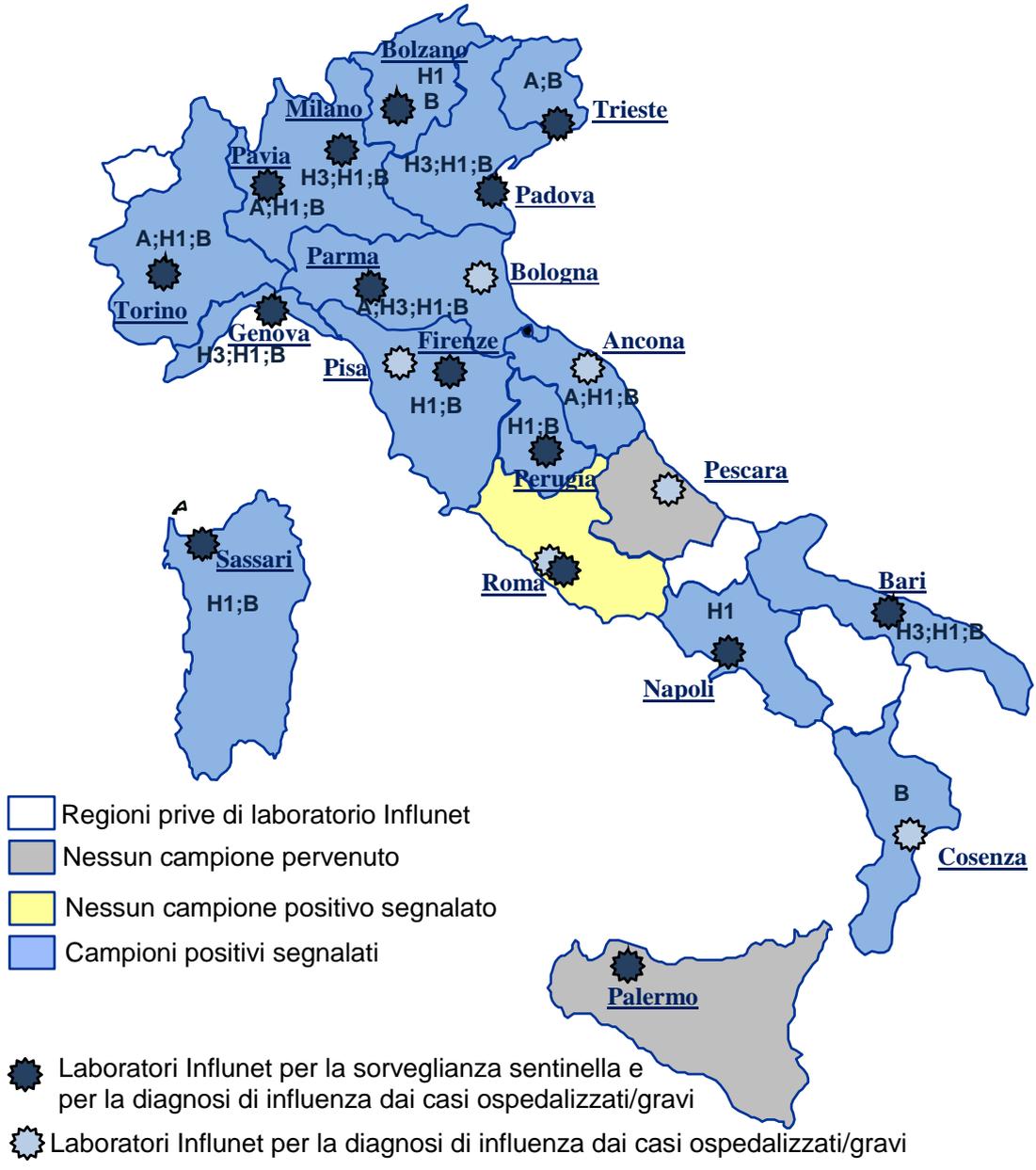
Durante la settimana 04/2018 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **1.029** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e di questi, **403 (39%)** sono risultati positivi al virus influenzale. In particolare, 132 sono risultati di tipo **A** (109 di sottotipo **H1N1pdm09**, 12 di sottotipo **H3N2** e 11 non ancora sottotipizzati) e 271 di tipo **B**. Vengono segnalate 4 ulteriori co-infezioni da virus A(H1N1)pdm09+B.

In tabella 1 sono elencati i laboratori che hanno comunicato i dati riguardanti le indagini di laboratorio, relativamente alla quarta settimana.

In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2017- 04/2018).

**Tabella 1** Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 4<sup>a</sup> settimana del 2018

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	AO Ospedali Riuniti	P. Bagnarelli
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
COSENZA	AO di Cosenza	C. Giraldi
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
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



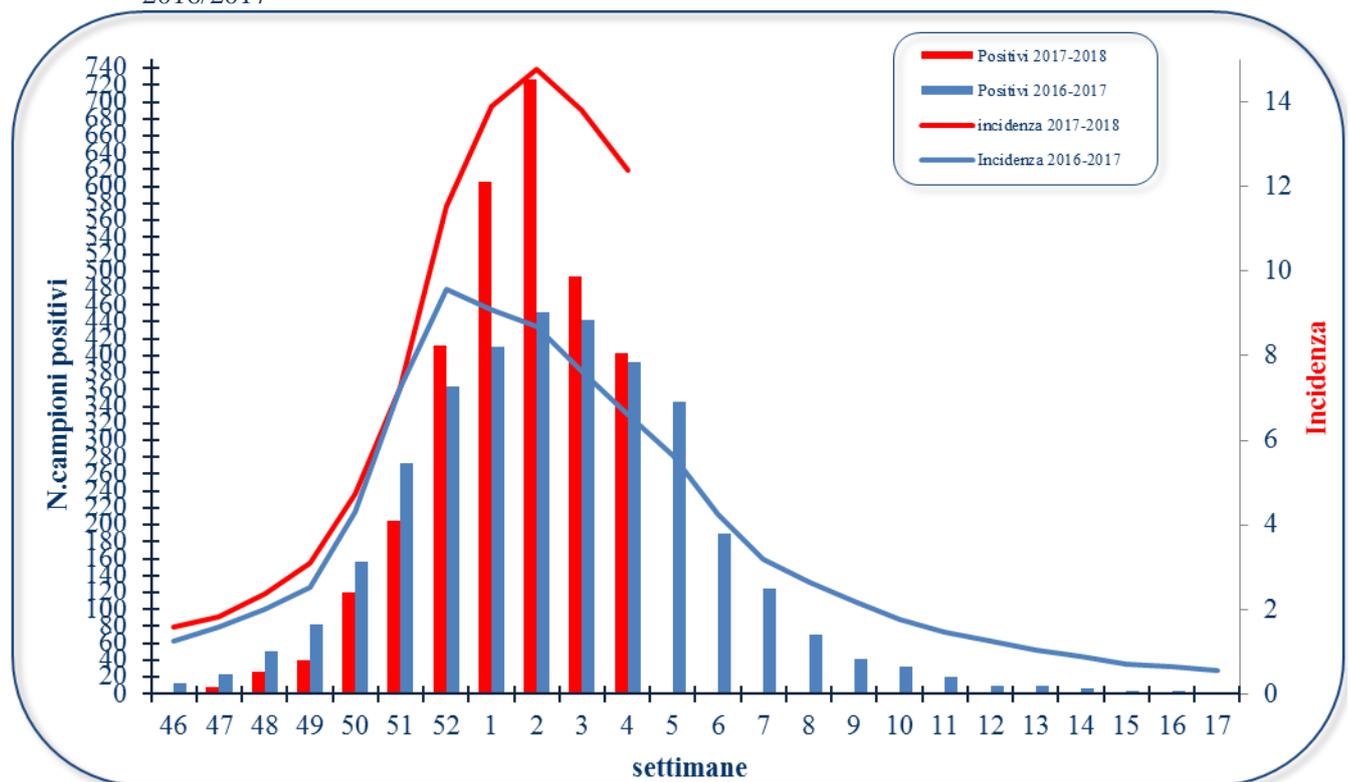
**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2017).

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	TOT
<b>FLU A</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>9</b>	<b>13</b>	<b>48</b>	<b>74</b>	<b>160</b>	<b>206</b>	<b>230</b>	<b>161</b>	<b>132</b>	<b>1.034</b>
A	0	0	3	0	1	3	12	13	12	12	11	67
A(H3N2)	0	0	1	4	9	6	9	10	13	14	12	78
A(H1N1)pdm09	0	1	5	9	38	65	139	183	205	135	109	889
<b>FLU B</b>	<b>2</b>	<b>7</b>	<b>17</b>	<b>27</b>	<b>72</b>	<b>130</b>	<b>252</b>	<b>400</b>	<b>497</b>	<b>332</b>	<b>271</b>	<b>2.007</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>2</b>	<b>8</b>	<b>26</b>	<b>40</b>	<b>120</b>	<b>204</b>	<b>412</b>	<b>606</b>	<b>727</b>	<b>493</b>	<b>403</b>	<b>3.041*</b>

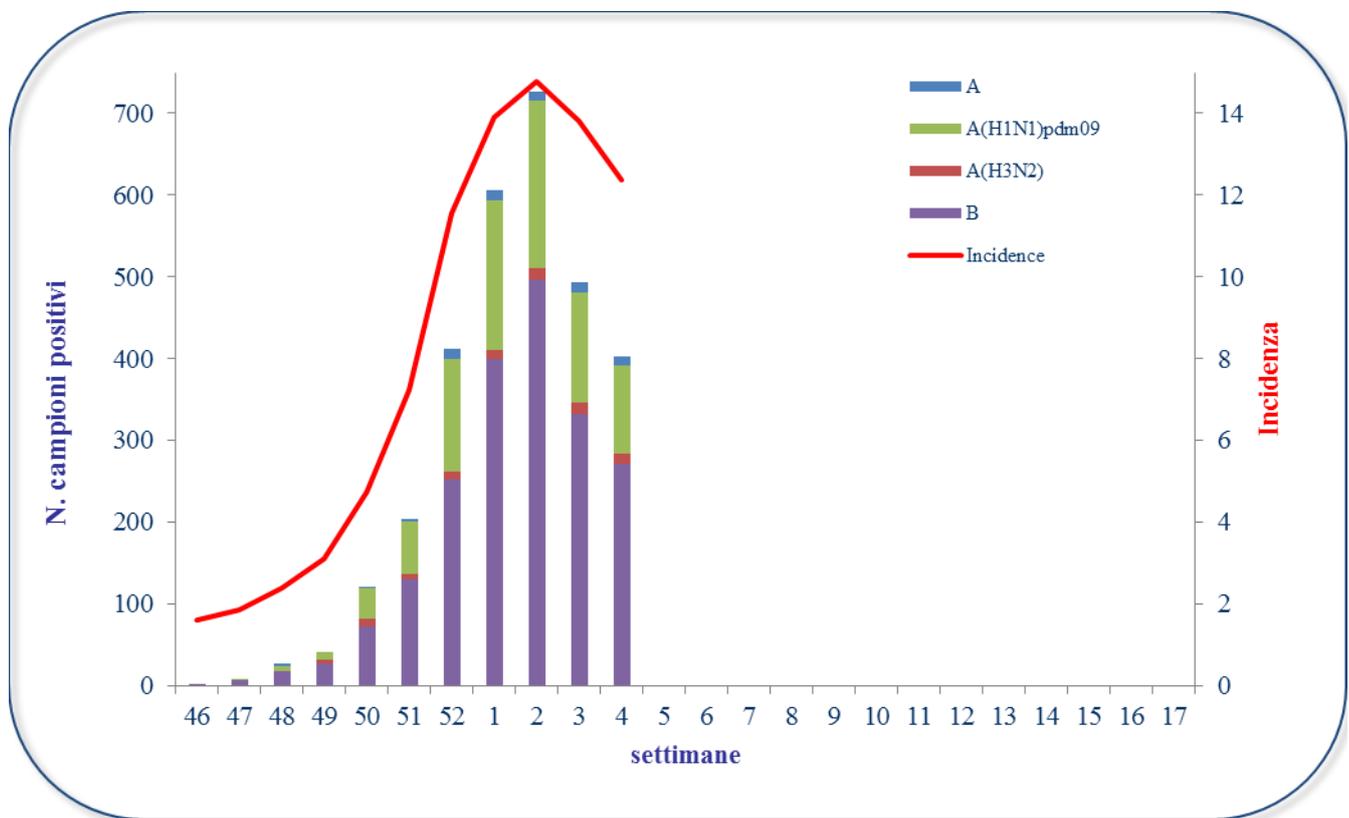
\*Su un totale di 8.130 campioni clinici pervenuti in laboratorio

N.B. Le apparenti discrepanze rispetto alla tabella delle settimane scorse sono dovute maggiormente ai recenti inserimenti di dati sul portale ed ai continui aggiornamenti conseguenti ad approfondimenti nelle analisi diagnostiche (tipo/sottotipo)

**Figura 1** Andamento settimanale dei campioni positivi della presente stagione rispetto alla stagione 2016/2017



**Figura 2** Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2017/2018)



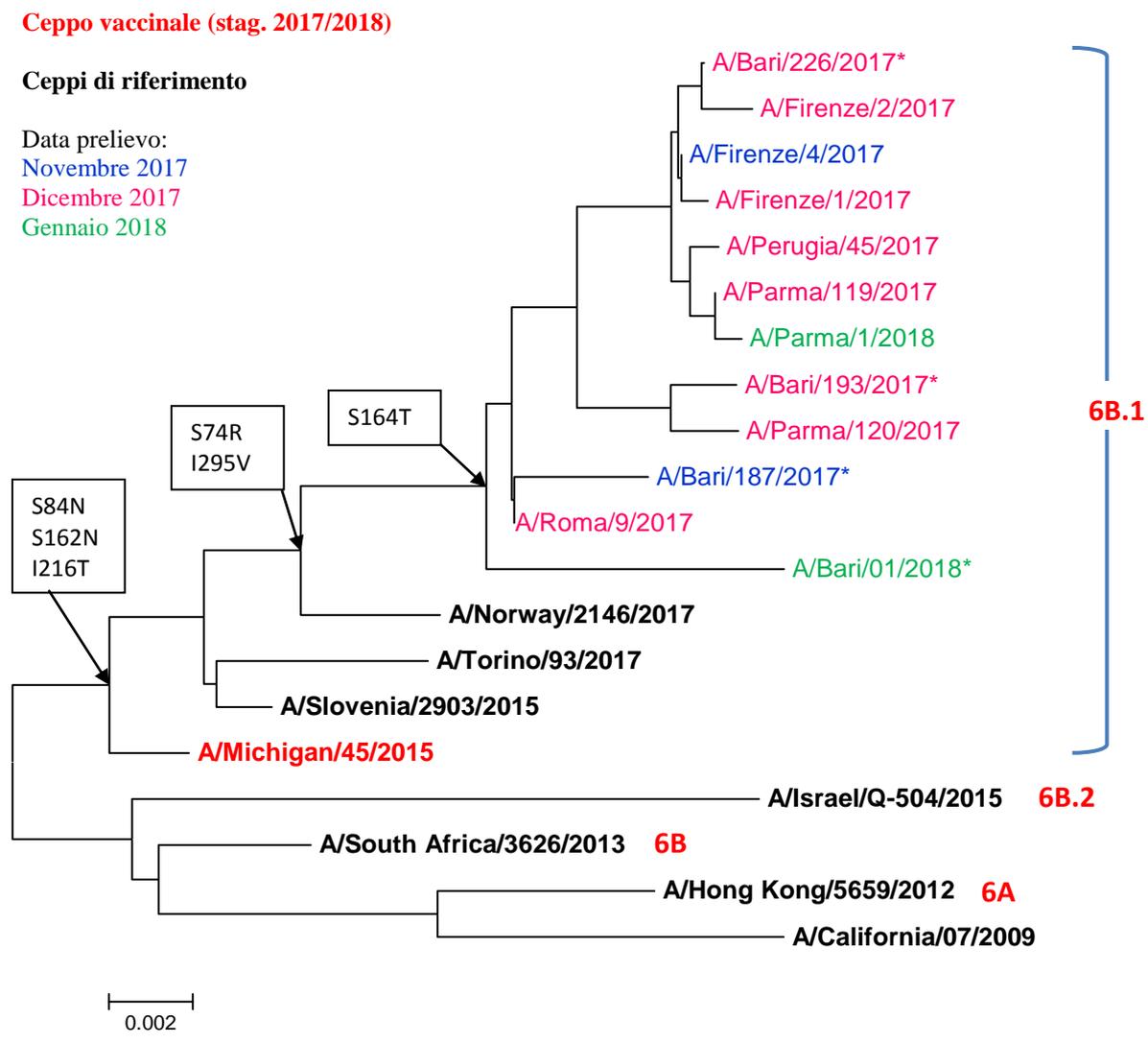
## Virus A(H1N1)pdm09 – Circolazione, caratteristiche ed analisi filogenetica

In Italia, la stagione influenzale 2017/2018 è stata, fino ad oggi, caratterizzata da una prevalente circolazione di ceppi di tipo B (66%), mentre i virus di tipo A rappresentano il restante 34%. Nell'ambito dei virus A sottotipizzati, i ceppi A(H1N1)pdm09 sono risultati finora largamente predominanti (92%) rispetto ai virus A(H3N2).

Per quanto riguarda la maggior parte degli altri paesi europei, si registra finora una leggera prevalenza di ceppi B (54%) sebbene, nell'ambito dei virus A sottotipizzati, prevalgano al momento i ceppi A(H3N2) (60%) rispetto ai virus A(H1N1)pdm09.

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di ceppi A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia, rappresentativi della stagione attuale (Figura 3), confermano l'appartenenza di tali virus al sottogruppo genetico **6B.1**, caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche S84N, S162N e I216T in HA1 (ceppo di riferimento: A/Michigan/45/2015). Tutti i virus isolati in Italia e fin qui analizzati sono caratterizzati dalle sostituzioni aminoacidiche S74R, S164T e I295V in HA1, in confronto al suddetto ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015, così come la maggior parte dei virus A(H1N1)pdm09 recentemente isolati in Europa.

**Figura 3.** Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus A(H1N1)pdm09 isolati in Italia (analisi effettuate presso il NIC-ISS).



\*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

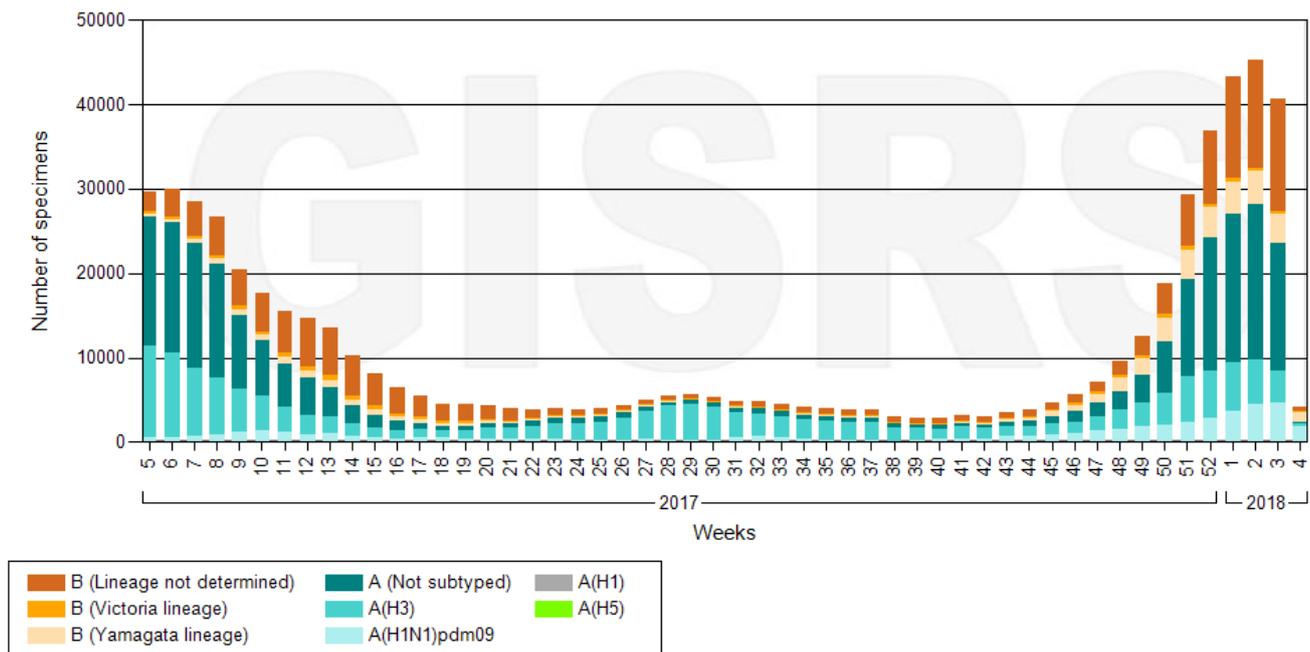
La circolazione dei virus influenzali si mantiene alta nelle zone temperate dell'emisfero Nord mentre, nell'emisfero Sud, ha ormai raggiunto bassi livelli.

Nel complesso, i virus di tipo A e B continuano a co-circolare, sebbene in proporzioni diverse nei vari Paesi. I ceppi A(H3N2) predominano in Nord America, mentre i ceppi A(H1N1)pdm09 rappresentano la maggioranza in alcuni paesi africani, in Medio Oriente ed in Giappone. I virus di tipo B, prevalentemente appartenenti al lineaggio Yamagata, predominano invece in Cina ed in molti paesi europei.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 3<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2018.

### Global circulation of influenza viruses

Number of specimens positive for influenza by subtype



## USA

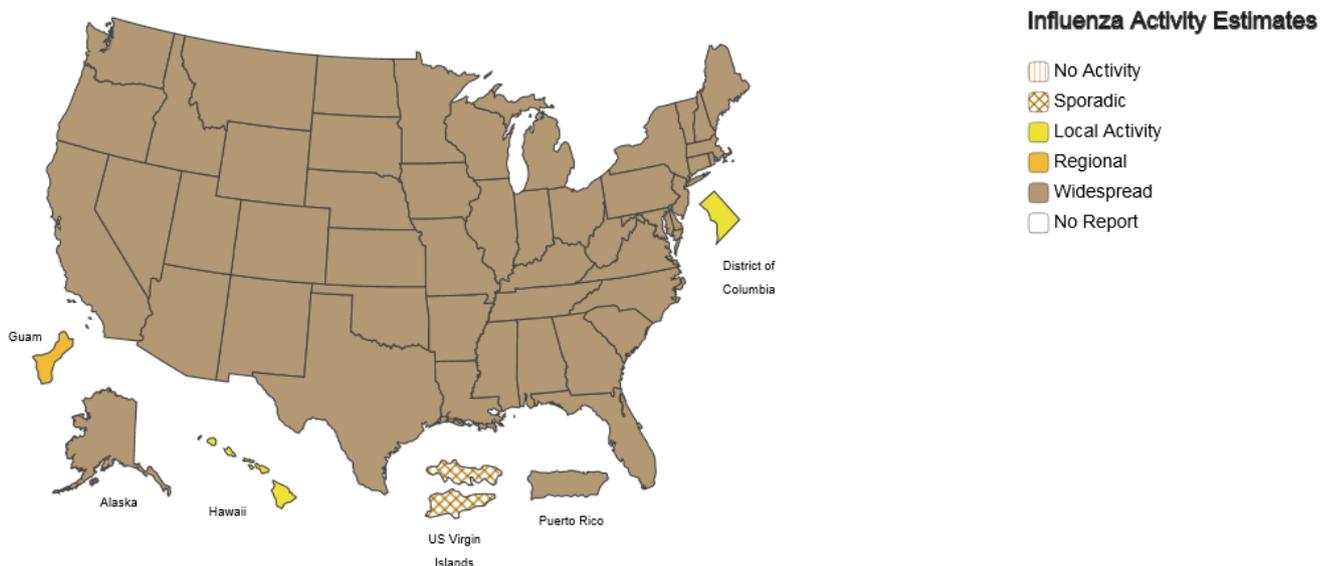
In tutti gli Stati Uniti, la circolazione dei virus influenzali si mantiene ad alti livelli, come evidenziato nella mappa sottostante aggiornata al 20 gennaio 2018.

I ceppi virali di tipo A, sottotipo H3N2, rimangono prevalenti.

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

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

Week Ending Jan 20, 2018 - Week 3



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

In particolare, nella 3<sup>a</sup> settimana di sorveglianza del 2018, sono stati testati **2.209** 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 **1.349** campioni risultati positivi al virus influenzale l'84,2% appartiene al tipo A; il sottotipo H3N2 è risultato dominante (80,5%), rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (12,7%).

	Week 3	Data Cumulative since October 1, 2017 (Week 40)
No. of specimens tested	2,209	39,400
No. of positive specimens <sup>†</sup>	1,349	19,869
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	1,136 (84.2%)	17,205 (86.6%)
A(H1N1)pmd09	144 (12.7%)	1,530 (8.9%)
H3N2	914 (80.5%)	15,376 (89.4%)
Subtyping not performed	78 (6.9%)	299 (1.7%)
Influenza B	213 (15.8%)	2,664 (13.2%)
Yamagata lineage	127 (59.6%)	1,750 (65.7%)
Victoria lineage	8 (3.8%)	184 (6.9%)
Lineage not performed	78 (36.6%)	730 (27.4%)

Il CDC riporta che, nell'ambito dei 1.041 ceppi sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche o antigeniche:

- 181/181 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1. Ottantacinque di questi ceppi sono stati caratterizzati anche a livello antigenico ed hanno evidenziato una stretta correlazione nei confronti del ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015;
- 461/561 (82%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* 3C.2a, 93/561 (17%) al sottogruppo 3C.2a1 e 7/561 (1%) al sottogruppo 3C.3a; 191/194 (98,5%) ceppi antigenicamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Michigan/15/2014 (3C.2a), un virus A/Hong Kong/4801/2014-like (ceppo vaccinale per la stagione 2017/2018 nell'Emisfero Nord) propagato in cellule;
- 299 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 256 appartenenti al lineaggio Yamagata e 43 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); 152 ceppi, caratterizzati a livello antigenico, sono risultati correlati al suddetto ceppo.

Tutti i ceppi Victoria sono risultati filogeneticamente correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008 (*clade* 1A); fino ad ora, 25 ceppi (58%) sono risultati correlati, dal punto di vista genetico e/o antigenico, al suddetto ceppo vaccinale, mentre per altri 18 ceppi (42%) è stata osservata una minore reattività antigenica e, per tali virus, è stata riportata la delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA, tipica dei virus appartenenti al *clade* 1A-2Del, emerso nel 2017.

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

## EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra un'ampia circolazione di virus influenzali nella maggior parte dei paesi europei ed un incremento nella circolazione virale, in particolare nei paesi dell'Europa orientale. I virus appartenenti al tipo A e al tipo B continuano a co-circolare, sebbene con differenti *pattern* di circolazione nei vari Paesi.

Nell'ambito della sorveglianza sentinella, la proporzione di campioni risultati positivi all'influenza nella 3<sup>a</sup> settimana del 2018 si attesta intorno al 52%, evidenziando un leggero incremento rispetto alla scorsa settimana.

In particolare, nella 4<sup>a</sup> settimana, vengono finora riportati i dati relativi a **12.221** identificazioni virali:

- 4.663 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 1.040 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 858 come H3N2. Ulteriori 2.765 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 7.558 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 819 sono stati caratterizzati come appartenenti al lineaggio B/Yamagata e 21 come B/Victoria. I rimanenti 6.718 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

### Total of Viral Detections in the Season up till Week 4, 2018

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	650	4013	3651	32058
A(H1)pdm09	344	696	1853	4663
A (subtyping not performed)	166	2599	633	19385
A (H3)	140	718	1110	7995
Influenza B	1232	6326	6549	37117
B(Vic) lineage	14	7	81	43
B(Yam) lineage	456	363	2253	2338
Unknown lineage	762	5956	4215	34736
<b>Total</b>	<b>1882</b>	<b>10339</b>	<b>10200</b>	<b>69175</b>

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2018-01-31. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2018-01-31 at 18:00

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2017, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 1.038 ceppi virali:

- 103/104 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale per l'emisfero Nord (stagione 2017/2018);
- 220/383 (57%) ceppi H3N2 caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 144/383 (37,5%) al sottogruppo 3C.2a1 (A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016) e 18/383 (4,6%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013); un ceppo è risultato appartenere ad altra categoria.
- 551 virus di tipo **B** sono stati analizzati; 498 appartengono al lineaggio Yamagata e, di questi, 410 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), mentre per 88 ceppi non è stato ancora possibile attribuire un *clade*. Tra i 50 virus appartenenti al lineaggio Victoria, 23 sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* 1A), mentre 27 hanno mostrato di appartenere al *clade* 1A-2Del, emerso nel 2017 (ceppo di riferimento: B/Norway/2409/2017). Per 3 ceppi non è stato ancora possibile attribuire un *clade*.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2017, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 393 ceppi virali:

- 97/99 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015;
- 8/16 ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati all'attuale ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Hong Kong/4801/2014; 5 sono risultati correlati al ceppo A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (nuovo ceppo vaccinale raccomandato per la stagione 2018 nell'emisfero Sud) e 2 al ceppo A/Switzerland/9715293/2013; per un solo ceppo non è stata ancora attribuita la categoria.
- Tra i 278 virus B analizzati, 273 appartengono al lineaggio Yamagata (B/Phuket/3073/2013-like), mentre 5 al lineaggio Victoria (B/Brisbane/60/2008-like).

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