



NIC - MIPI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



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

MIPI 13/04/2016-0000544



Documento Interno

1

Rapporto N. 22 del 13 aprile 2016

Settimana 14/2016

CENTRO NAZIONALE INFLUENZA/NIC-MIPI

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:

In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati dell'analisi filogenetica condotta sulle emagglutinine di un numero rappresentativo di virus influenzali A(H1N1)pdm09, circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2015/2016 (Figura 4).

ITALIA

Durante la settimana 14/2016 sono stati raccolti **234** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet, di cui **55 (23,5%)** sono risultati positivi al virus influenzale (26 di tipo **A** e 29 di tipo **B**). Nell'ambito del tipo **A**, 11 virus sono risultati di sottotipo **H3N2**, e 7 di sottotipo **H1N1pdm09**; i restanti 8 virus **A** segnalati non sono stati ancora sottotipizzati.

Tra i ceppi **B**, 7 sono stati caratterizzati di cui 6 appartenenti al lineaggio **B/Victoria** e 1 al lineaggio **B/Yamagata**.

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

In Figura 1 viene riportata la distribuzione geografica dei ceppi virali identificati dai diversi laboratori regionali nella settimana corrente.

In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 41/2015-14/2016).

In Figura 2 viene riportato l'andamento settimanale dei campioni positivi della stagione corrente, rispetto alla precedente, ed in Figura 3 quello relativo ai diversi tipi/sottotipi virali.



Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 14^a settimana del 2016

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	AO Ospedali Riuniti	P. Bagnarelli
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
FIRENZE	UNIVERSITA'	A. Azzi
GENOVA	UNIVERSITA'	F. Ansaldi
MILANO	UNIVERSITA'	A. Zanetti
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
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO Amedeo di Savoia	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



Figura 1 Distribuzione geografica dei ceppi virali identificati nella settimana corrente dai diversi laboratori

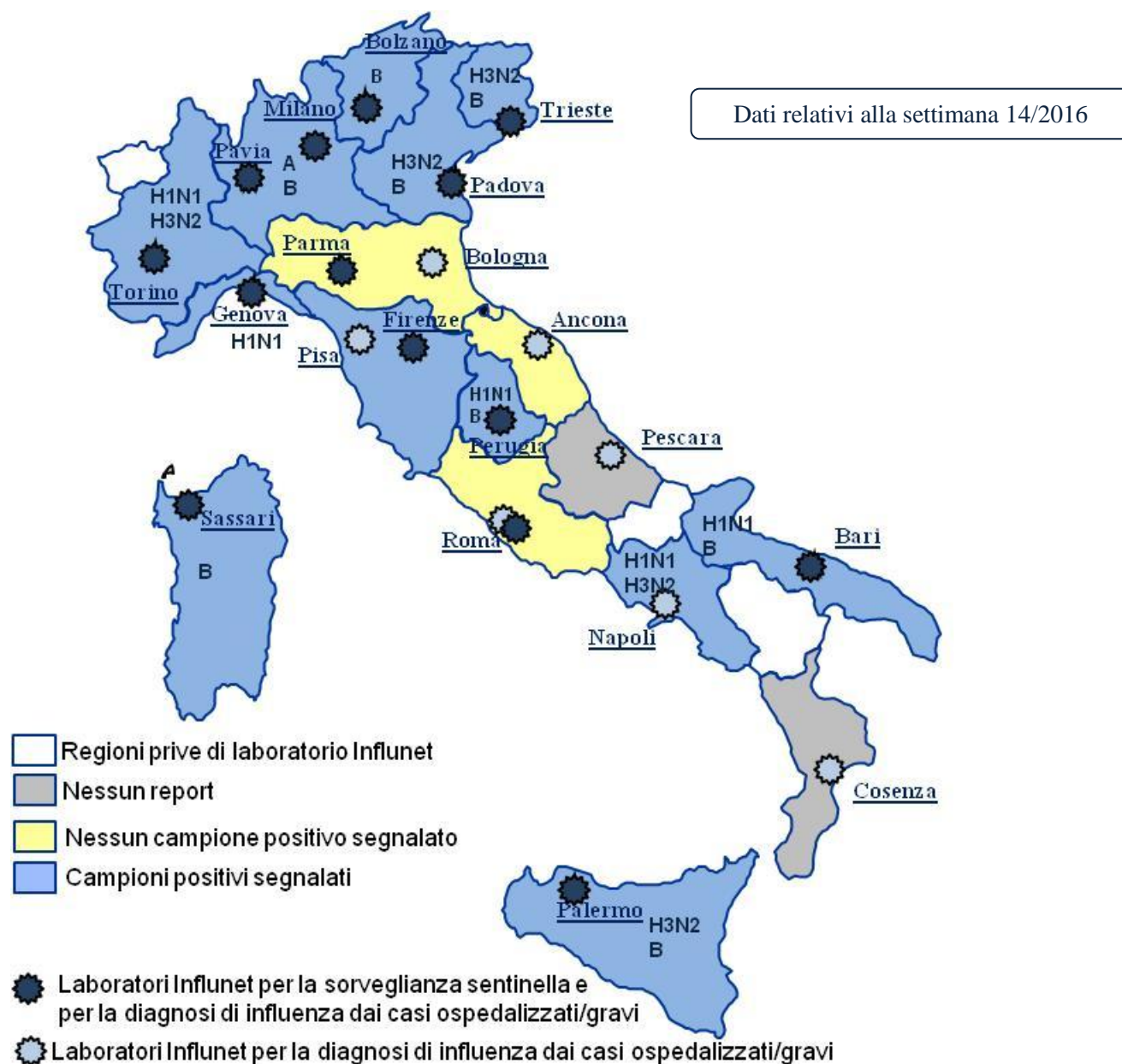
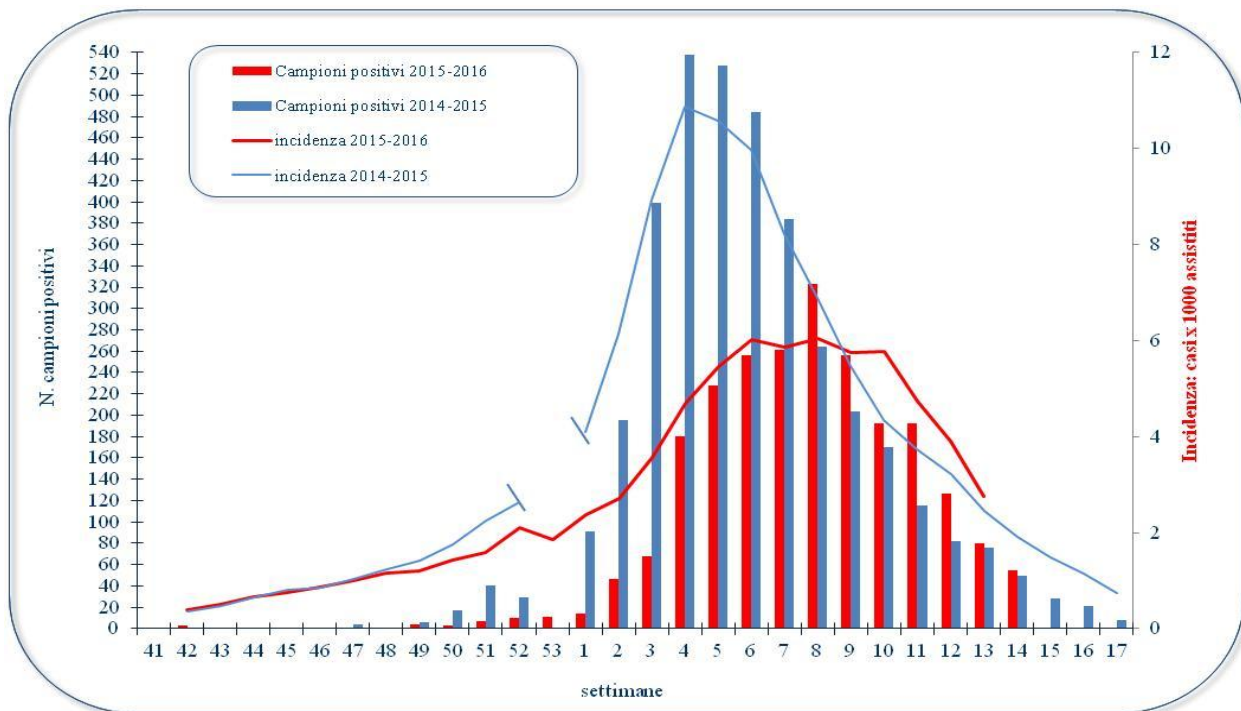


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 41/2015).

	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	TOT
FLU A	1	2	0	0	0	0	0	1	2	3	6	10	11	11	27	34	78	95	119	107	125	104	82	77	46	29	26	996
A									1				1	3	5	1	9	7	5	5	6	10	6	4	7	4	8	82
A(H3N2)	1	1						1	1	2	2	3	6	6	7	17	40	49	74	73	81	54	59	47	24	14	11	573
A(H1N1)pdm2009		1								1	4	7	4	2	15	16	29	39	40	29	38	40	17	26	15	11	7	341
FLU B	0	1	0	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	3	19	34	102	133	137	154	198	152	110	115	80	51	29	1.322
TOT POSITIVI	1	3	0	0	1	0	0	1	4	3	7	10	11	14	46	68	180	228	256	261	323	256	192	192	126	80	55	2.318

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

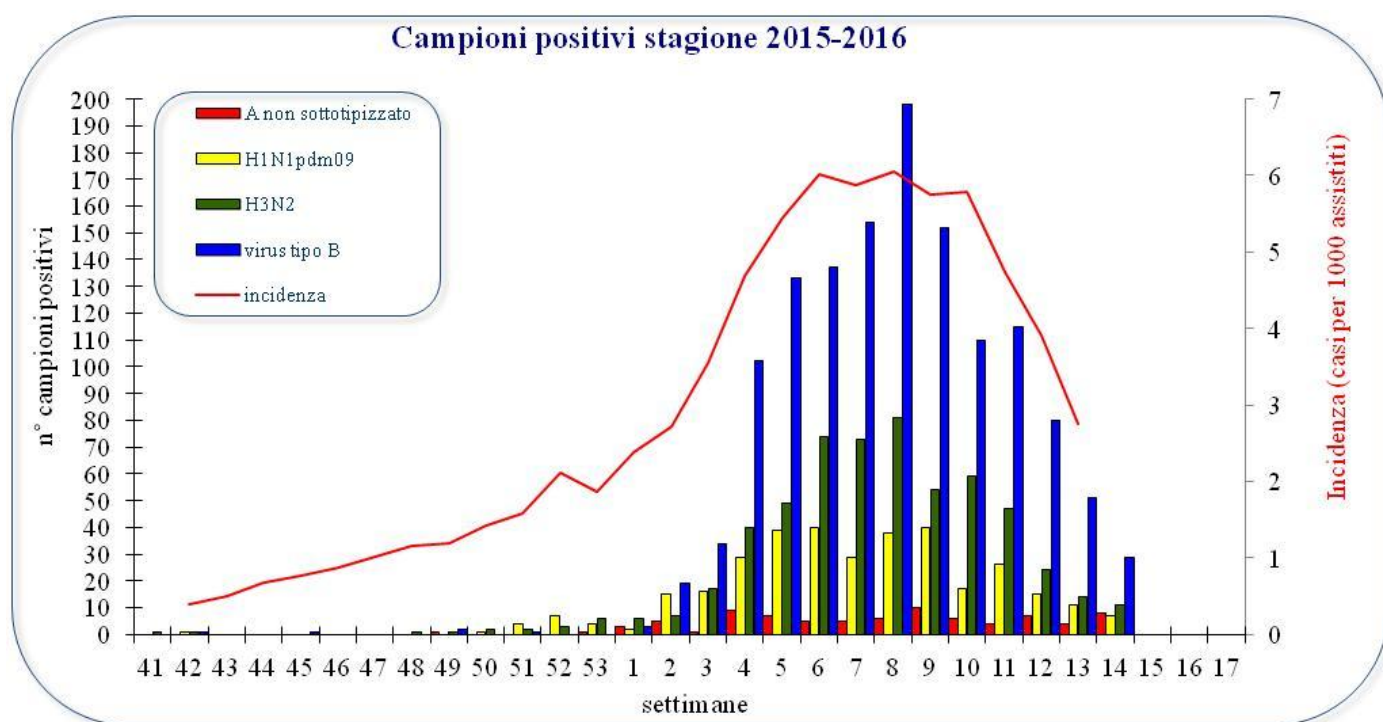
Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi della presente stagione rispetto alla stagione 2014/2015



N.B. L'interruzione della linea dell'incidenza è dovuta alla differenza nel numero delle settimane tra il 2014 e il 2015.



Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo



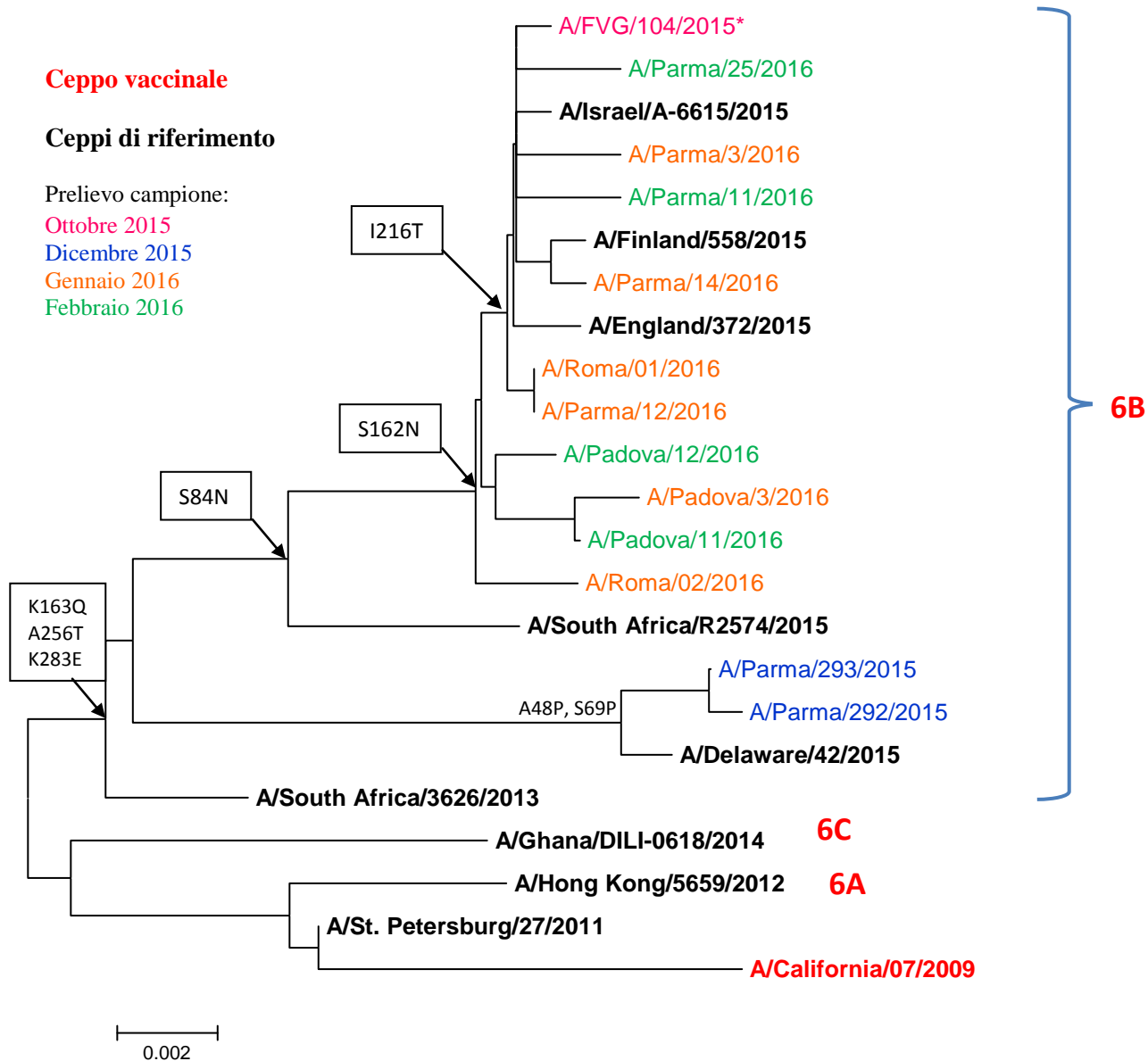
Caratterizzazione molecolare ed analisi filogenetica - Virus A(H1N1)pdm09

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di ceppi A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia, rappresentativi della stagione attuale, confermano l'appartenenza di tali virus al sottogruppo genetico **6B** (Figura 4), in quanto caratterizzati dalle sostituzioni aminoacidiche K163Q, A256T, K283E in HA1 (ceppo di riferimento A/South Africa/3626/2013), se confrontati con il ceppo vaccinale A/California/7/2009. Nell'ambito di tale sottogruppo, sono stati recentemente identificati due nuovi *sub-clusters*, **6B.1** e **6B.2**. Il primo è caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche S84N, S162N (che introduce un potenziale sito di glicosilazione) e I216T in HA1, in cui confluiscono anche diversi ceppi isolati in Italia. Il *sub-cluster* 6B.2 è invece caratterizzato dalle sostituzioni V152T e V173I in HA1, e da E164G e D174E in HA2. Nessun ceppo analizzato finora, tra quelli isolati in Italia, è risultato appartenere a quest'ultimo sottogruppo.

Solo pochi ceppi isolati a Parma a fine anno si raggruppano, invece, in un sottogruppo minore, caratterizzato dalle seguenti mutazioni in HA1: A48P, S69P.

Nonostante l'evoluzione genetica recentemente evidenziata nei ceppi A(H1N1)pdm09 circolanti, analisi antigeniche eseguite presso i Centri di riferimento OMS dimostrano che la maggior parte dei virus inclusi nei suddetti nuovi *sub-clusters* rimane correlata al ceppo vaccinale A/California/7/2009.





*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

Figura 2. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus umani di sottotipo H1N1pdm09 in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.

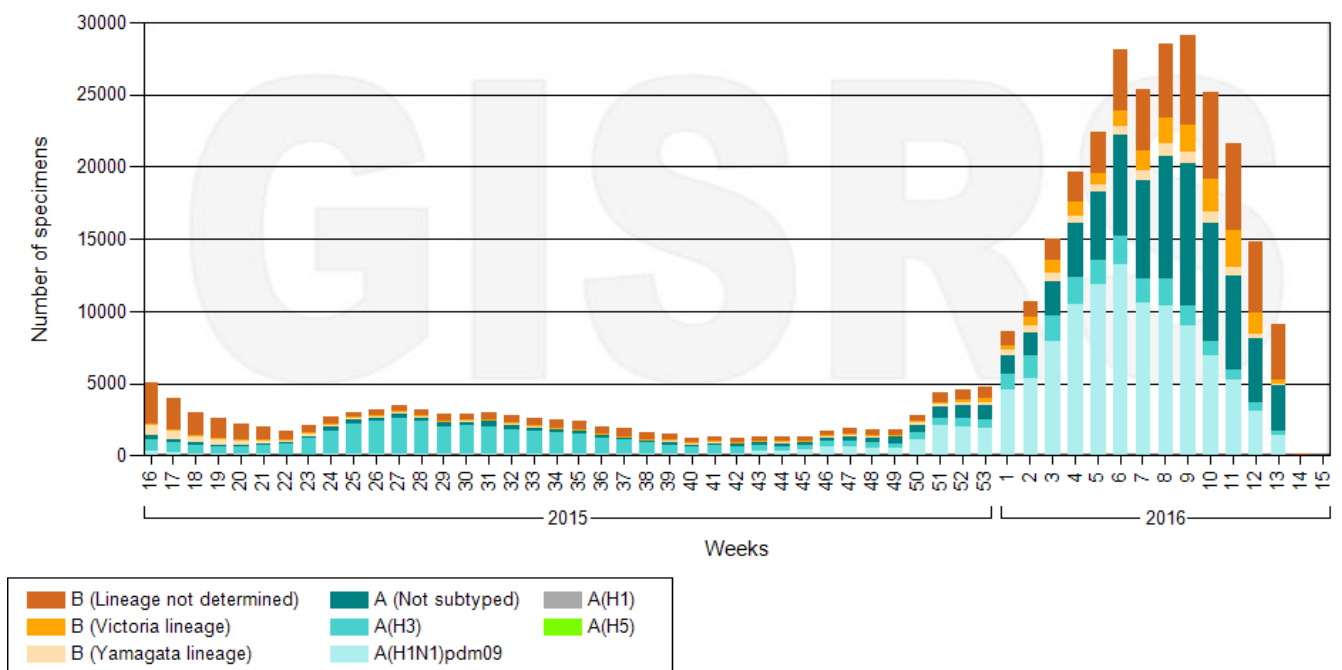


SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, vengono ancora riportati elevati livelli di circolazione di virus influenzali, con una sostenuta circolazione dei ceppi influenzali di tipo B.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 13^a settimana di sorveglianza.

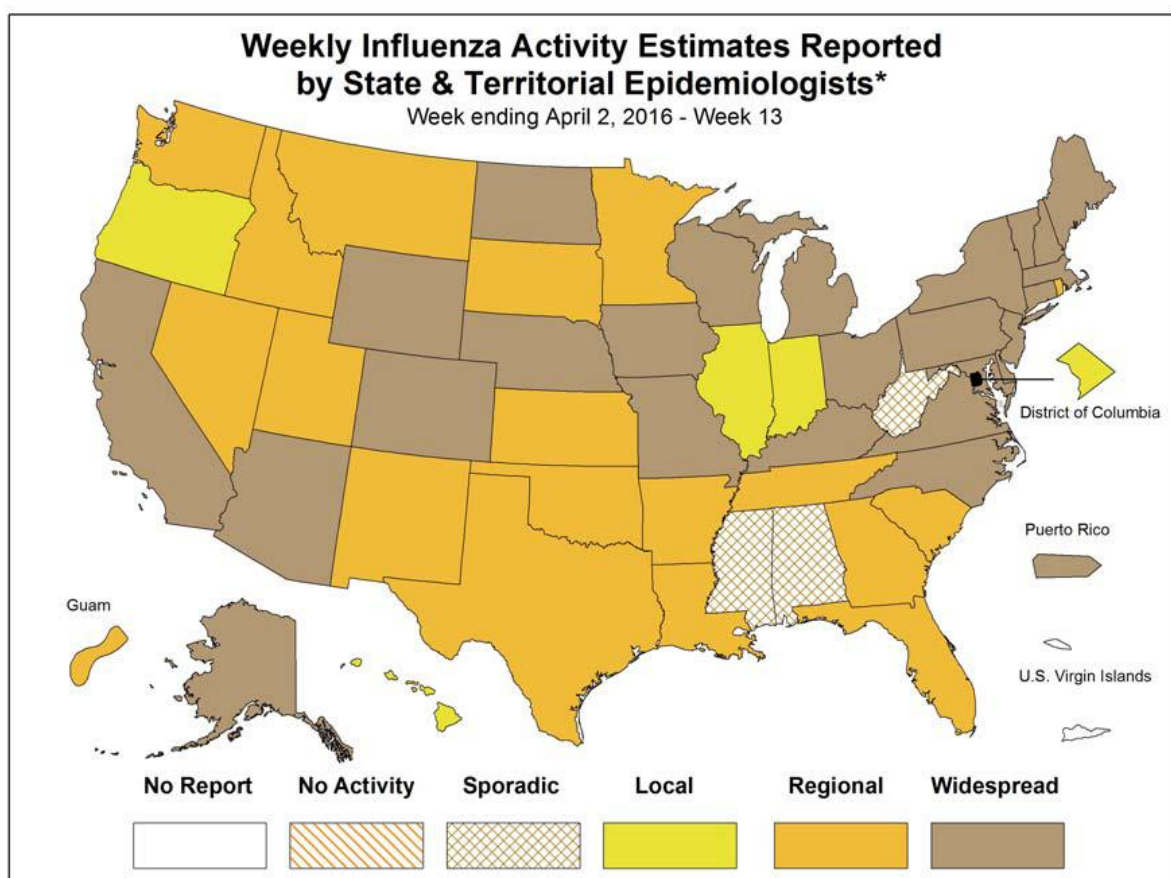
Number of specimens positive for influenza by subtype



USA

La figura sottostante si riferisce alla 13^a settimana di sorveglianza (ultimo aggiornamento: 2 aprile 2016).

La circolazione di virus influenzali rimane elevata in tutti gli USA, anche se viene riportata una leggera diminuzione. I ceppi A/H1N1pdm09 continuano ad essere prevalenti.



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



In particolare, nella 13^a settimana di sorveglianza, sono stati testati **1.333** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e **642** sono risultati positivi al virus influenzale. I ceppi di tipo A (67,6%) sono sempre prevalenti rispetto ai virus tipo B (32,4%). Tra i virus di tipo A sottotipizzati, 76 sono risultati H3N2 (17,5%) e 345 H1N1pdm09 (79,5%). Nell'ambito dei 208 ceppi B caratterizzati, 69 sono risultati appartenenti al lineaggio Yamagata e 37 al lineaggio Victoria.

	Week 13	Data Cumulative since October 4, 2015 (Week 40)
No. of specimens tested	1.333	55.425
No. of positive specimens	642	20.343
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	434 (67,6%)	15.213 (74,8%)
H1N1pdm09	345 (79,5%)	12.261 (80,6%)
H3	76 (17,5%)	2.683 (17,6%)
Subtyping not performed	13 (3,0%)	269 (1,8%)
Influenza B	208 (32,4%)	5.130 (25,2%)
Yamagata lineage	69 (33,2%)	2.304 (44,9%)
Victoria lineage	37 (17,8%)	938 (18,3%)
Lineage not performed	102 (49,0%)	1.888 (36,8%)

Il CDC riporta che, nell'ambito delle 1.494 caratterizzazioni finora effettuate a partire dal 1° ottobre 2015:

- 606/606 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 375/375 (100%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Switzerland/9715293/2013 (ceppo vaccinale per la stagione 2015/2016 nell'emisfero Nord); tra questi, 162 ceppi sono stati antigenicamente caratterizzati e 154/162 (95,1%) sono risultati A/Switzerland/9715293/2013-like in saggi HI o di neutralizzazione;
- 513 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 296 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata), mentre 211 dei 217 ceppi appartenenti al lineaggio B/Victoria, sono risultati correlati al ceppo del vaccino quadrivalente B/Brisbane/60/2008-like (lineaggio B/Victoria).

Per ulteriori informazioni relativo al quadro complessivo statunitense si rimanda al report settimanale del [CDC](http://www.cdc.gov).



EUROPA

L'ECDC (TESSy) riporta una circolazione diffusa di virus influenzali nei Paesi dell'Europa occidentale, sebbene la maggior parte degli altri Paesi (88%) segnali una circolazione in diminuzione o stabile. La proporzione di campioni risultati positivi all'influenza, nell'ambito della sorveglianza sentinella, rimane alta (43%) ed il 67% delle identificazioni sono risultate di tipo B.

Nella 14^a settimana, vengono riportati ad oggi i dati relativi a 3.147 identificazioni virali. In particolare:

- 1.228 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 480 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 86 come H3N2. Ulteriori 662 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 1.919 virus sono risultati appartenenti al tipo B; tra questi, 157 sono risultati appartenere al lineaggio B-Victoria e 15 al lineaggio B-Yamagata. I 1.747 rimanenti ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 14, 2016

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	85	1143	10188	82928
A(H1)pdm09	63	417	8433	50603
A (subtyping not performed)	16	646	478	28003
A (H3)	6	80	1264	4274
Influenza B	222	1697	7285	27900
B(Vic) lineage	92	65	3384	2306
B(Yam) lineage	2	13	97	313
Unknown lineage	128	1619	3804	25281
Total	307	2840	17473	110828

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2016-04-13. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2016-04-13 at 16:30



La caratterizzazione molecolare condotta su 3.066 virus H1N1pdm09 isolati dall'inizio della stagione ne evidenzia l'appartenenza al sottogruppo genetico 6B (ceppo di riferimento: A/South Africa/3626/2013).

Le analisi condotte su 456 virus H3N2 isolati mostrano che 315 ceppi (69%) risultano appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 132 (29%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013), 6 (1,3%) al sottogruppo 3C.3 (A/Samara/73/2013) ed i restanti 3 (0,7%) al sottogruppo 3C.3b (A/Stockholm/28/2014).

Nell'ambito dei 792 virus di tipo B finora analizzati, 672 (85%) sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria e 120 (15%) al lineaggio B/Yamagata.

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

