



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 24 del 2 maggio 2019

Settimana 17/2019

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

Con questa settimana si conclude il periodo di sorveglianza virologica relativo alla stagione 2018-2019, come previsto dal Protocollo Influnet.

Con l'occasione si ringraziano tutte le persone che hanno partecipato, a diverso titolo e nei diversi ambiti di competenza, alle attività di monitoraggio della circolazione dei virus influenzali nel nostro Paese, contribuendo in maniera significativa alle decisioni prese in ambito internazionale riguardo la nuova composizione vaccinale per la stagione 2019-2020.

In particolare:

Gruppo di lavoro NIC-ISS

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

CCM – Ministero della Salute

Francesco Maraglino
Anna Caraglia

Laboratori Periferici partecipanti:

Azienda Sanitaria ASL Centro Sud di Bolzano (Elisabetta Pagani)
Università degli Studi di Trieste (Pierlanfranco D'Agaro)
Ospedale "Amedeo di Savoia"- Torino (Valeria Ghisetti)
Università degli Studi di Milano (Elena Pariani)
IRCCS "San Matteo" di Pavia (Fausto Baldanti)
Università degli Studi di Genova (Filippo Ansaldi)
Università degli Studi di Padova (Giorgio Palù)
Università degli Studi di Parma (Paola Affanni)
Università degli Studi di Firenze (Gian Maria Rossolini)
Università degli Studi di Perugia (Barbara Camilloni)
Università Cattolica del Sacro Cuore – Roma (Maurizio Sanguinetti)
UOC policlinico di Bari (Maria Chironna)
Università degli Studi di Sassari (Caterina Serra)
Università degli Studi di Palermo (Francesco Vitale)
Azienda Ospedaliera "Ospedali Riuniti" Ancona (Patrizia Bagnarelli)
IRCCS "L. Spallanzani" di Roma (Maria Capobianchi)
Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana – Pisa (Maria Linda Vatteroni)
Azienda Ospedaliera dei Colli Monaldi-Cotugno – Napoli (Luigi Atripaldi)

*Inoltre si ringraziano tutti i **Referenti Regionali** e i **Medici Sentinella** che hanno contribuito a livello regionale alla raccolta dei campioni clinici.*

Maria Rita Castrucci

Responsabile Centro Nazionale Influenza

In evidenza:

In quest'ultimo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) di un selezionato numero di virus influenzali, circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2018/2019 ed appartenenti ai sottotipi A(H1N1)pdm09 ed A(H3N2) (Figure 4 e 5)

ITALIA

Durante la settimana 17/2019 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **84** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e, tra gli **82** analizzati, **4 (5%)** sono risultati positivi al virus influenzale, tutti di tipo **A**. In particolare, 2 sono risultati di sottotipo **H1N1pdm09** e 2 di sottotipo **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 17^a settimana del 2019. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici ottenuti (sett. 46/2018-17/2019). 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 17^a settimana del 2019

Città	Laboratorio	Referente
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Vitale
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni

Figura 1 Laboratori Influnet regionali che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 17^a settimana del 2019

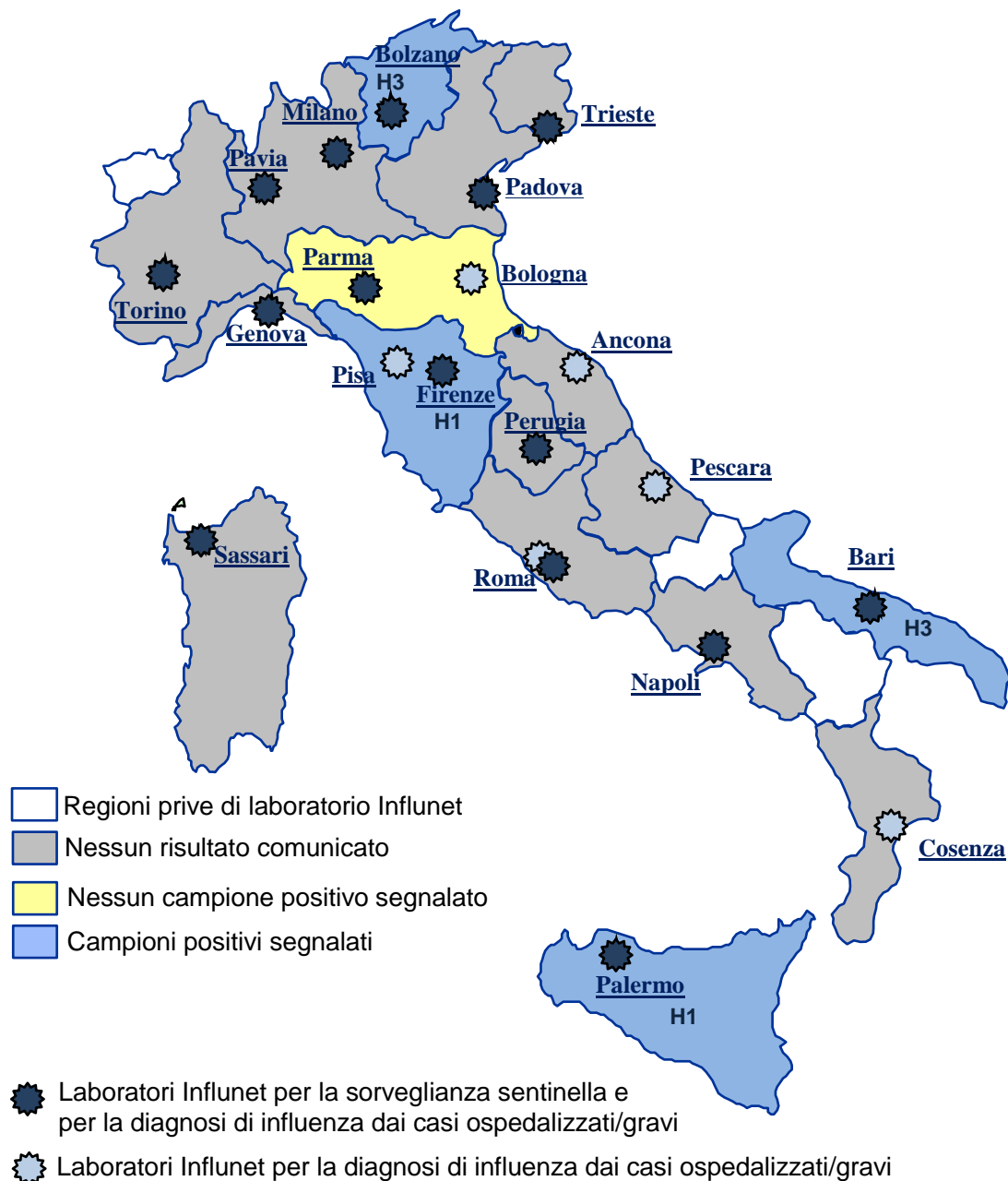


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2018).

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	TOT
FLU A	7	19	20	19	35	55	83	142	267	560	727	833	918	742	661	468	328	192	139	62	41	24	13	4	6359
A	0	0	1	0	0	1	6	3	15	41	14	62	84	30	81	54	38	17	16	3	4	0	2	0	472
A(H3N2)	3	13	11	9	10	22	19	41	82	176	257	316	391	378	342	298	223	138	102	45	32	18	8	2	2936
A(H1N1) pdm09	4	6	8	10	25	32	58	98	170	343	456	455	443	334	238	116	67	37	21	14	5	6	3	2	2951
FLU B	1	0	0	0	0	0	0	0	3	2	1	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9
TOT POS.	8	19	20	19	35	55	83	142	270	562	728	833	918	742	663	468	328	192	139	62	41	24	13	4	6368*

*Su un totale di 20.009 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

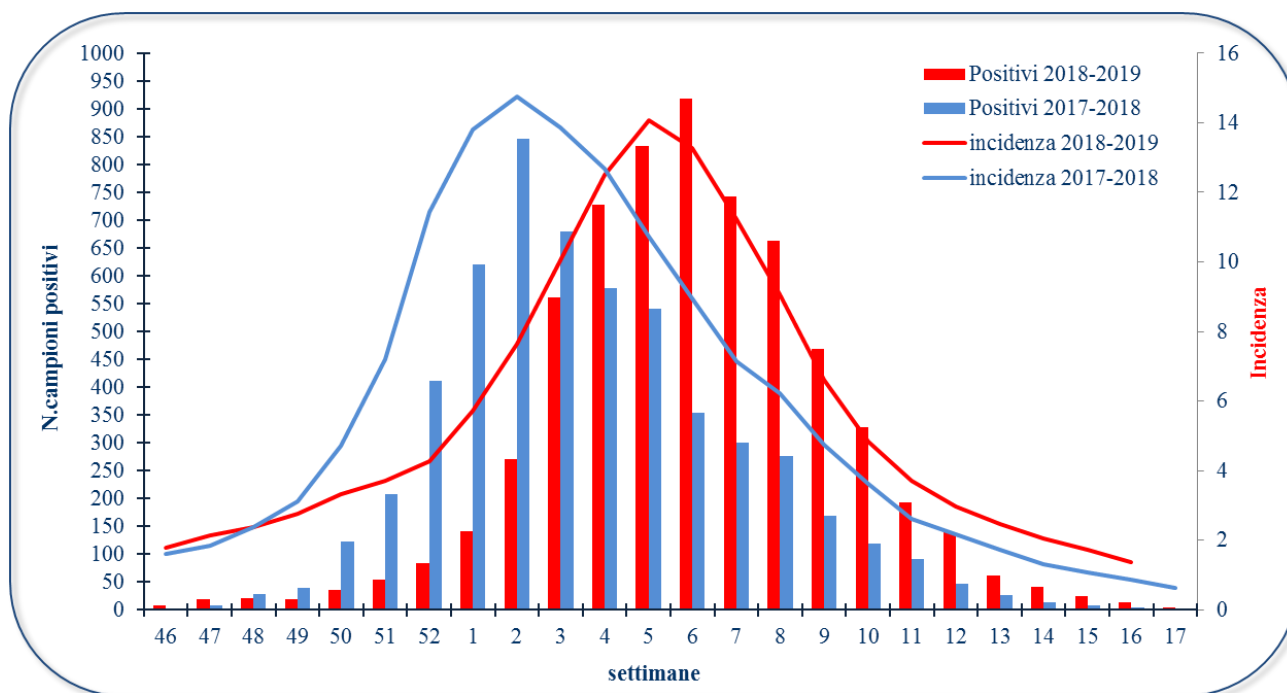
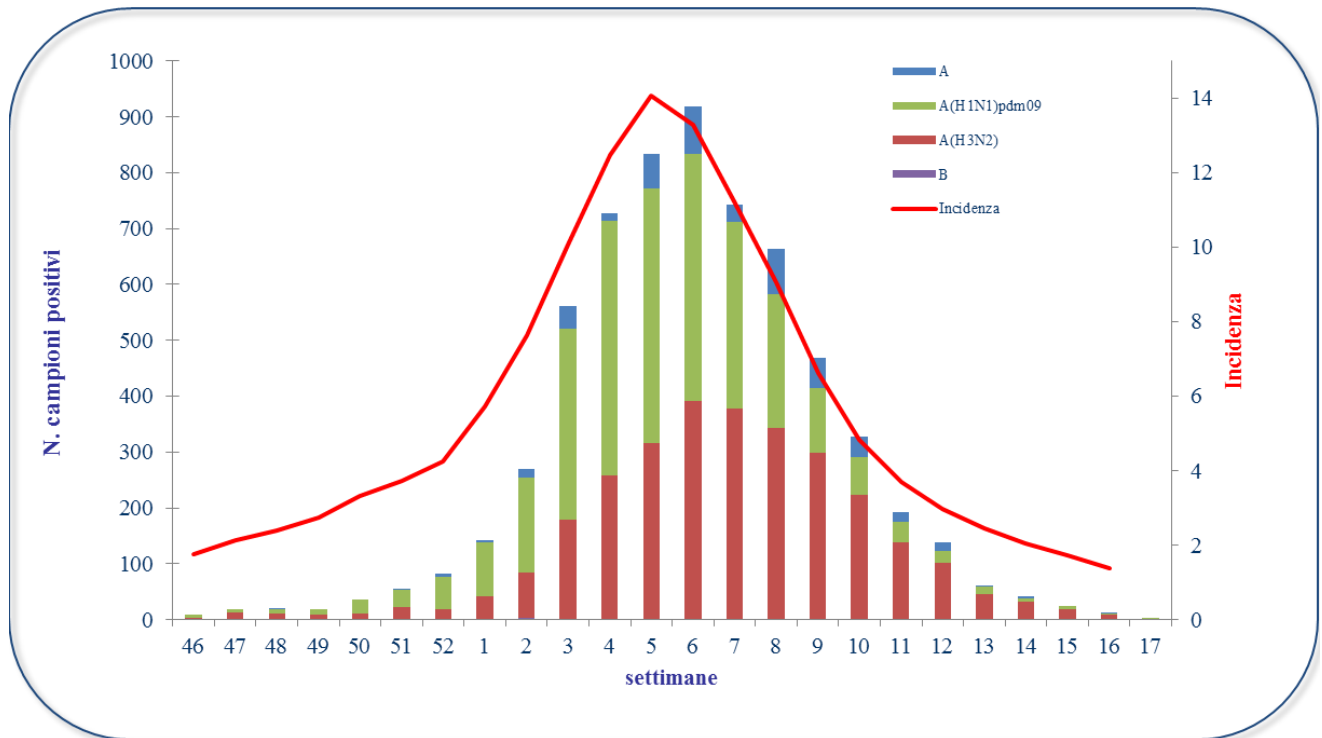


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2018/2019)



CIRCOLAZIONE, CARATTERISTICHE ED ANALISI FILOGENETICA DEI CEPPI INFLUENZALI CIRCOLANTI IN ITALIA NELLA STAGIONE 2018/2019

La stagione 2018/2019 in Italia è stata caratterizzata, nel complesso, da una dominante circolazione di virus di tipo A (99,8% dei campioni risultati positivi all'influenza), mentre estremamente limitate sono state le identificazioni virali attribuibili ai ceppi di tipo B (N.= 9; 0.2%).

Nell'ambito del tipo A, i virus appartenenti ai due sottotipi H3N2 ed H1N1pdm09 hanno sempre co-circolato, sebbene i ceppi H1N1pdm09 siano risultati prevalenti nella prima metà della stagione epidemica, mentre i ceppi H3N2 dalla seconda metà di febbraio in poi. Ad oggi, le percentuali di identificazioni virali attribuibili a ciascuno dei due sottotipi risultano equivalenti (circa 46%). Solo il 7,4% dei ceppi di tipo A non è stato sottotipizzato.

Nel complesso, 20.009 campioni clinici sono stati raccolti sia nell'ambito della sorveglianza sentinella che da casi ospedalizzati e, di questi, 6.368 (32%) sono risultati positivi per il virus influenzale. Il periodo di massima raccolta dei campioni è stato registrato nella settimana 06/2019 e, nella stessa settimana, è stata registrata la percentuale di positività all'influenza più elevata (49,9%) (Figure 2 e 3).

Per quanto riguarda i virus di sottotipo **A(H1N1)pdm09** circolanti in Italia nella presente stagione, le analisi molecolari e filogenetiche (Figura 4) eseguite sul gene dell'emagglutinina (HA) di ceppi identificati, in particolare, da gennaio in poi ne hanno evidenziato l'appartenenza al *subclade* **6B.1A**, definito in particolare da 3 sostituzioni aminoacidiche aggiuntive in HA1, S74R, S164T e I295V, rispetto al ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015. La maggior parte dei ceppi analizzati presenta l'ulteriore sostituzione in HA1, S183P, come il nuovo ceppo vaccinale selezionato per la stagione 2019/2020, A/Brisbane/02/2019. Nel complesso, si rileva un certo grado di divergenza genetica e si evidenziano nuovi sottogruppi definiti da specifici

cambiamenti aminoacidici aggiuntivi in HA1, quali ad esempio N129D, T185I o N260D, spesso in combinazione anche con altre sostituzioni.

Nonostante la comparsa di una diversificazione genetica, le analisi antigeniche finora condotte a livello europeo confermano una stretta corrispondenza dei virus A(H1N1)pdm09 circolanti in Europa con il suddetto ceppo vaccinale.

Per quanto riguarda i virus di sottotipo **A(H3N2)**, permangono i noti problemi legati alla caratterizzazione antigenica di questi virus, a causa di una ridotta o nulla capacità di agglutinare i globuli rossi di diverse specie animali.

Le analisi molecolari e filogenetiche (Figura 5), eseguite sul gene HA di ceppi A(H3N2) identificati nella seconda metà della stagione in corso, hanno permesso di evidenziarne l'appartenenza a due diversi sottogruppi genetici, **3C.2a1b** (ceppo di riferimento: A/La Rioja/2202/2018) e **3C.3a** (ceppo di riferimento: A/Kansas/14/2017). Ad inizio stagione, i virus A(H3N2) si raggruppavano soprattutto nel *subclade* **3C.2a1b** ed, in minima proporzione nel *subclade* **3C.2a2** (ceppo di riferimento: A/Switzerland/8060/2017); tuttavia, nelle settimane successive, i virus A(H3N2) appartenenti al *clade* **3C.3a** hanno iniziato a circolare più ampiamente in Italia, come descritto anche in altre parti del mondo.

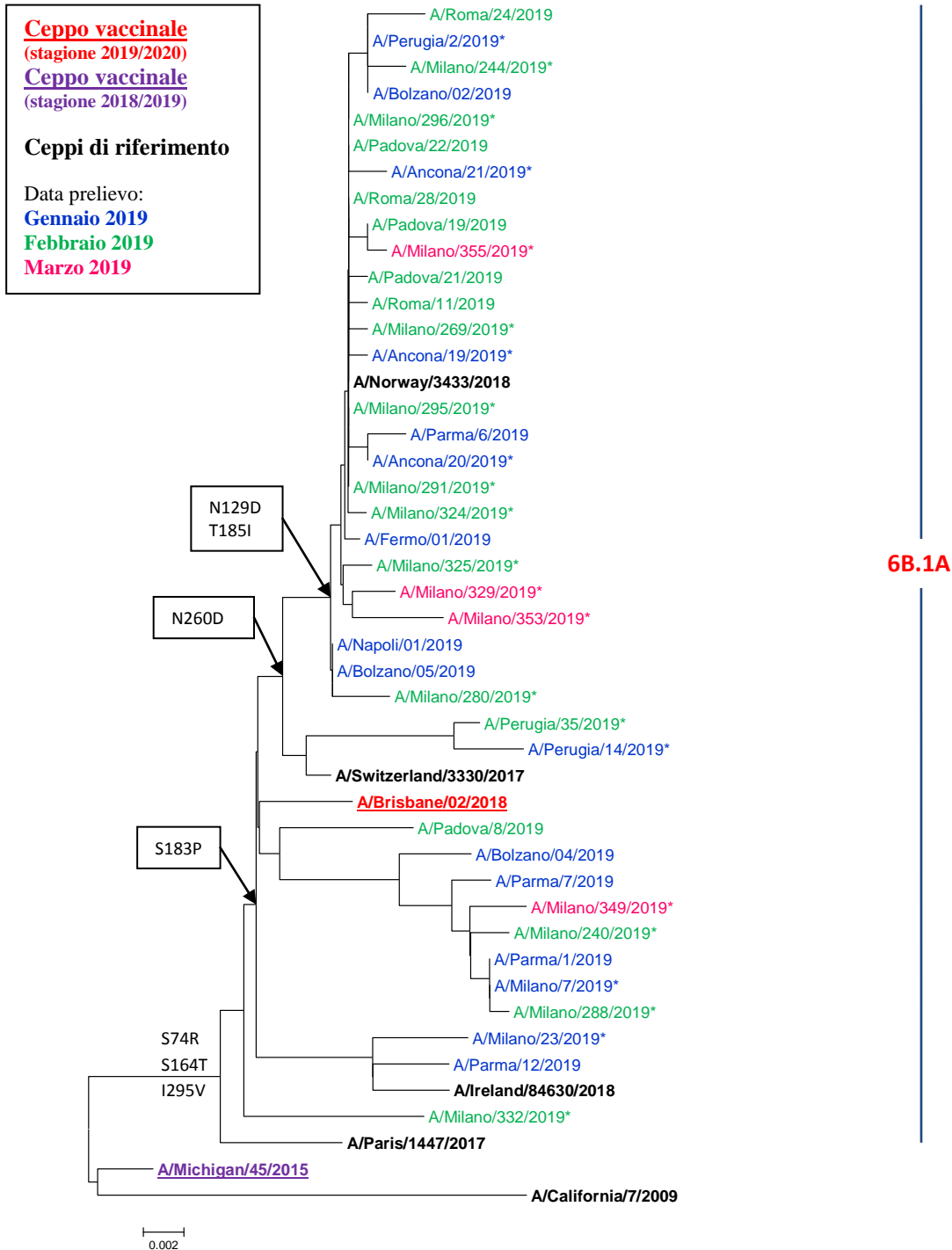
I ceppi virali appartenenti al *sub-clade* **3C.2a1** sono definiti dalle sostituzioni aminoacidiche N121K, N171K, I406V e G484E nel gene HA, rispetto al ceppo A/Hong Kong/4801/2014; tutti i virus italiani analizzati presentano le sostituzioni aggiuntive E62G, K92R, N121K, R142G e H311Q in HA1, che definiscono il *sub-clade* **3C.2a1b**. I virus appartenenti al *subclade* **3C.3a** sono definiti dalle sostituzioni aminoacidiche S91N, N144K, F193S e K326R in HA1.

Solo 9 virus di tipo **B** sono stati identificati in Italia nella stagione 2018/2019; di questi, 3 sono risultati appartenere al lineaggio B/Yamagata e 2 al lineaggio B/Victoria, mentre per altri 4 ceppi non è stato definito il lineaggio. L'analisi molecolare, effettuata su uno dei ceppi Yamagata, ne ha evidenziato l'appartenenza al gruppo genetico 3, il cui ceppo di riferimento è il B/Phuket/3073/2013.

Per quanto riguarda i ceppi B/Victoria, l'analisi molecolare relativa al gene HA dei 2 virus, ha evidenziato che entrambi appartenevano al *clade* 1A, rappresentato dal

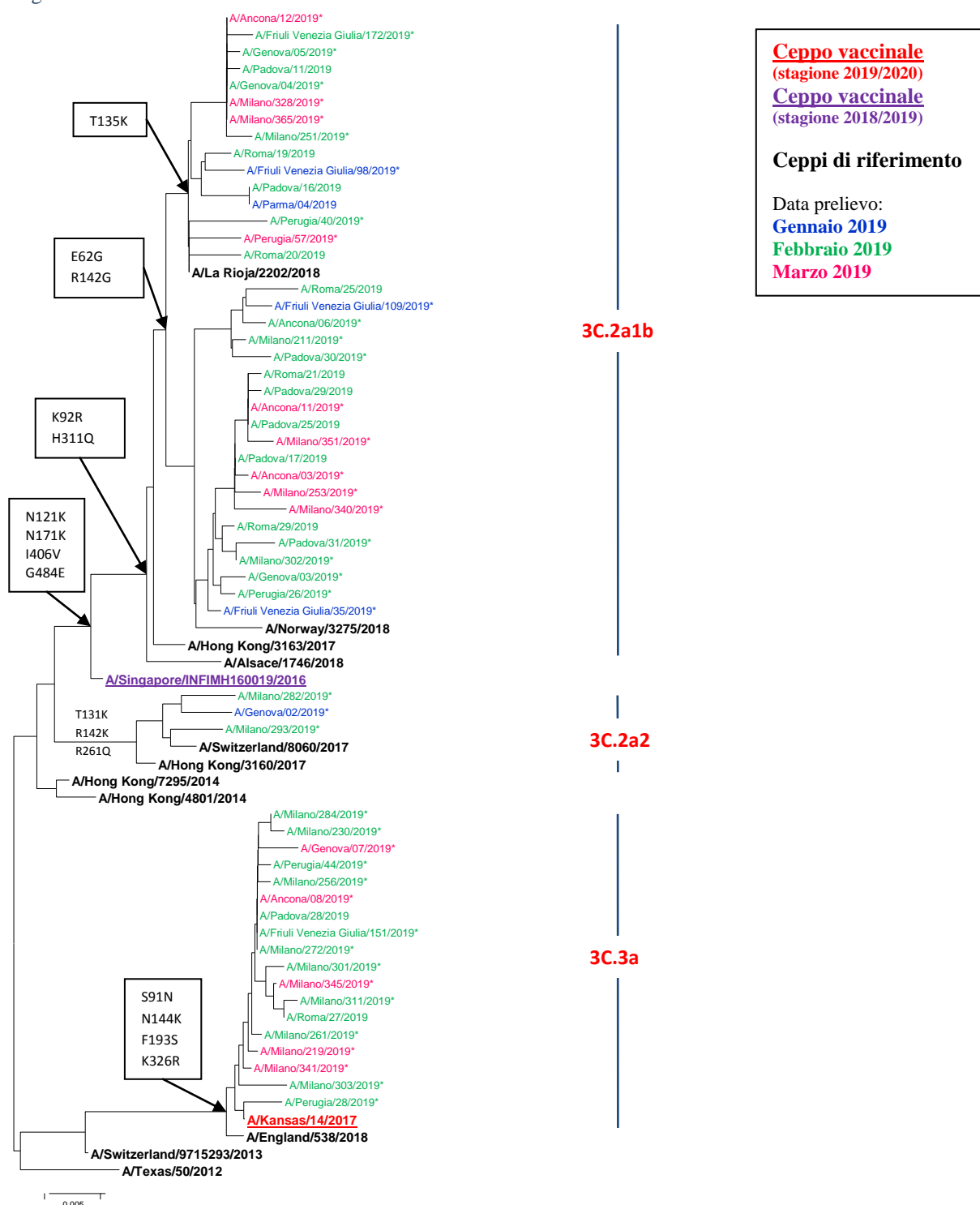
ceppo di riferimento B/Brisbane/60/2008, sebbene uno dei due si raggruppi in un *sub-cluster* caratterizzato dalle sostituzioni aggiuntive I117V, D129G ed I180V in HA1. Da sottolineare che, in quest'ultimo ceppo, è stata evidenziata la delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA, tipica dei virus appartenenti al sub-clade V1A (ceppo di riferimento vaccinale B/Colorado/06/2017).

Figura 4. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di un numero rappresentativo di virus A(H1N1)pdm09 in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.



*: sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

Figura 5. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di un numero rappresentativo virus A(H3N2) in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.



*: sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

ANALISI DELLA FARMACO-SUSCETTIBILITA' DI VIRUS INFLUENZALI ISOLATI IN ITALIA NELLA STAGIONE 2018/2019

Nell'ambito della stagione 2018/2019, il NIC ha condotto attività di monitoraggio della farmaco-suscettibilità dei virus influenzali circolanti sul territorio nazionale.

Nel complesso, tra i virus pervenuti al NIC, un totale di 79 ceppi isolati in Italia (34 A/H1N1pdm09 e 45 A/H3N2) sono stati finora saggiati per la suscettibilità agli inibitori della neuraminidasi (IN). Le analisi fenotipiche condotte su tali isolati hanno permesso di evidenziarne la totale sensibilità nei confronti sia dello zanamivir sia dell'oseltamivir (Tabella 3). Il saggio fenotipico ha, infatti, mostrato valori di IC₅₀ tipici dei virus influenzali sensibili ad entrambi gli IN.

Tabella 3 Risultati delle analisi fenotipiche per la valutazione della suscettibilità agli IN di virus influenzali isolati in Italia, durante la stagione 2018/2019.

	N. testati	N. resistenti/N. sensibili
A(H1N1)pdm09	34	0/34
A(H3N2)	45	0/45
Total N.	79	0/79

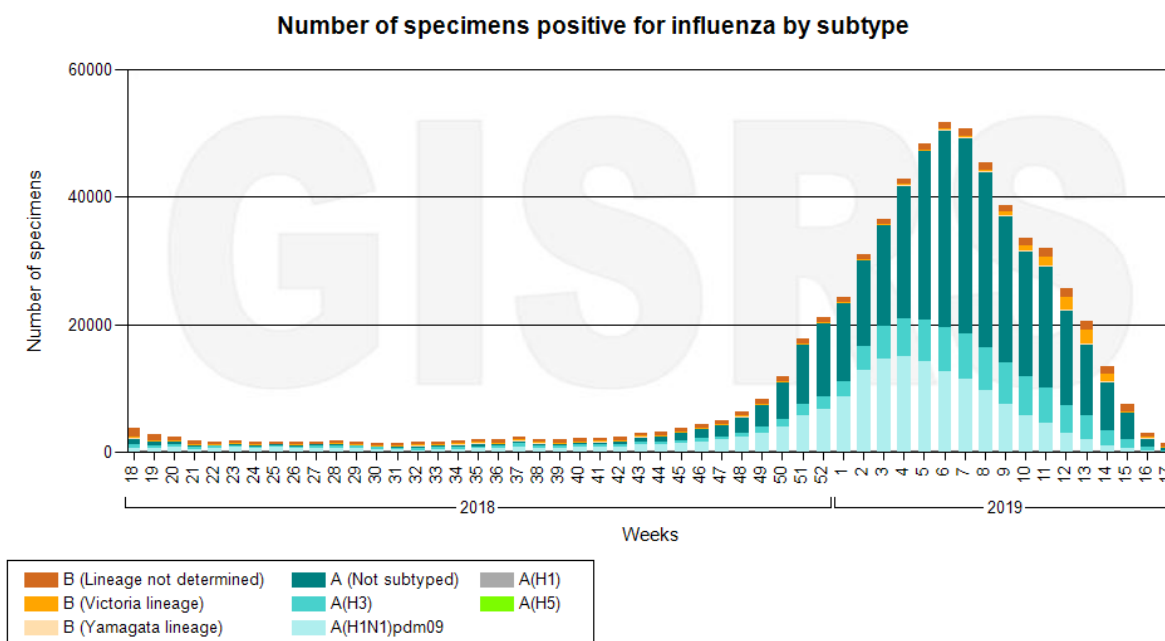
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nelle zone temperate dell'emisfero Nord, si osserva un globale decremento nell'attività dei virus influenzali.

In particolare, in Europa si registra complessivo decremento dell'attività dei virus influenzali, con co-circolazione di entrambi i virus A, in prevalenza A(H3N2); in Nord America la circolazione continua a diminuire, con prevalenza dei ceppi A(H3N2), seguiti dai virus di tipo B. In Nord Africa, la circolazione dei virus influenzali è tornata a livelli base, mentre in Asia occidentale è diminuita un po' ovunque, ad eccezione dell'Arabia Saudita dove l'attività virale rimane elevata. In Asia orientale, si osservano bassi livelli di circolazione virale, con prevalenza di ceppi B; una seconda "ondata" di infezioni da virus influenzale viene riportata nella Repubblica della Corea. Nelle regioni asiatiche meridionali, l'attività dei virus influenzali è minima, mentre continua ad essere riportata in Africa orientale, sebbene sia in diminuzione. Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, le identificazioni virali sono aumentate, in particolare, nelle regioni meridionali dell'Australia e dell'Africa. Nel complesso, nel mondo, i virus influenzali di tipo A rimangono prevalenti.

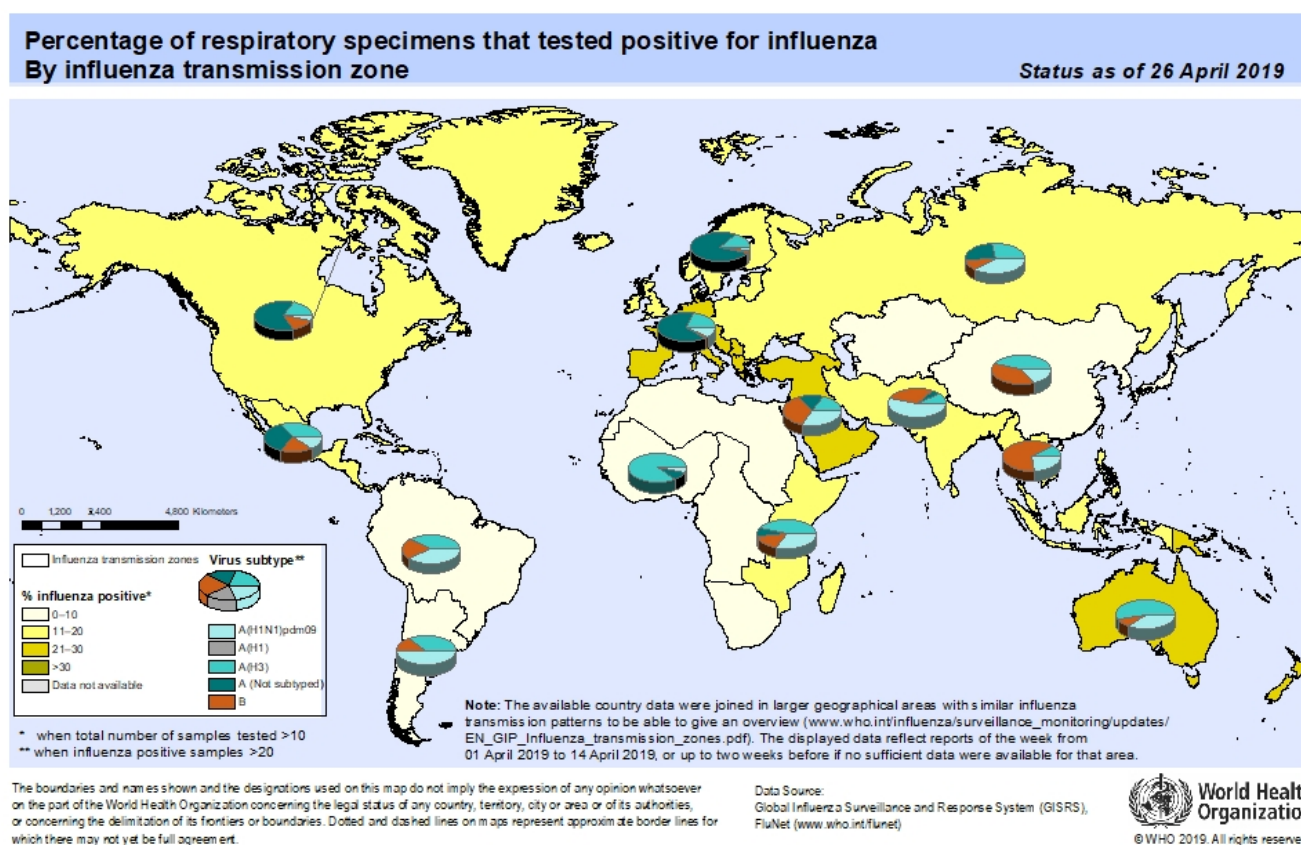
Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 17^a settimana di sorveglianza del 2019.

Global circulation of influenza viruses



Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (29 aprile 2019) e relativo a 137.187 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 1° e il 14 aprile 2019, 20.772 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 17.422 (83,9%) appartenevano al tipo A e 3.350 (16,1%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 1.917 (32,8%) erano H1N1pdm09 e 3.922 (67,2%) H3N2. Nell'ambito dei virus B identificati, 108 (8,3%) appartenevano al lineaggio Yamagata e 1.196 (91,7%) al lineaggio Victoria.

Nella seguente mappa viene indicata la proporzione globale dei campioni testati e risultati positivi al virus influenzale, aggiornata al 26 aprile 2019.



USA

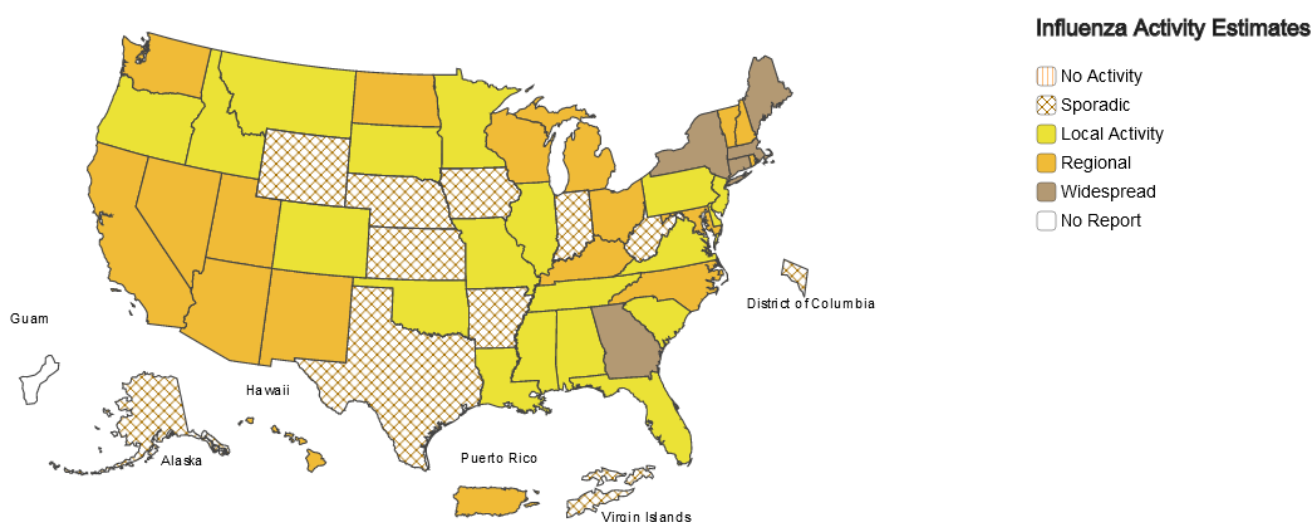
In tutti gli Stati Uniti, l'attività dei virus influenzali è in netta diminuzione, come evidenziato nella mappa sottostante aggiornata al 20 aprile 2019.

Nell'ambito dei virus influenzali di tipo A, i ceppi di sottotipo H1N1pdm09 sono risultati predominanti tra ottobre e metà febbraio, mentre i ceppi di sottotipo H3N2 sono risultati prevalenti a partire dalla fine del mese di febbraio. Solo poche identificazioni virali sono state attribuite a ceppi di tipo B.

A Weekly Influenza Surveillance Report Prepared by the Influenza Division

Weekly Influenza Activity Estimates Reported by State and Territorial Epidemiologists*

Week Ending Apr 20, 2019 - Week 16



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

In particolare, nella 16^a settimana di sorveglianza del 2019, sono stati testati **584** 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 **177** campioni risultati positivi al virus influenzale l'84,2% appartiene al tipo A, con una prevalenza del sottotipo H3N2 (76,7%), rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (23,3%). Nell'ambito dei virus B (15,8%), su 28 ceppi identificati, 3 sono risultati appartenere al lineaggio Yamagata e 18 al lineaggio Victoria, mentre per altri 7 non è stato definito il lineaggio.

	Week 16	Data Cumulative since September 30, 2018 (Week 40)
No. of specimens tested	584	73,182
No. of positive specimens*	177	39,096
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	149 (84.2%)	37,802 (96.7%)
(H1N1)pdm09	34 (23.3%)	21,130 (58.0%)
H3N2	112 (76.7%)	15,270 (42.0%)
Subtyping not performed	3	1,402
Influenza B	28 (15.8%)	1,294 (3.3%)
Yamagata lineage	3 (14.3%)	333 (39.6%)
Victoria lineage	18 (85.7%)	508 (60.4%)
Lineage not performed	7	453

Il CDC riporta che nell'ambito dei 2.015 ceppi virali, raccolti tra il 30 settembre e il 20 aprile 2019, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche o antigeniche:

- 995/995 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1. Di questi ceppi, 304 sono stati caratterizzati anche a livello antigenico e, tra questi, in 295 (97%) è stata evidenziata una stretta correlazione nei confronti del ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015;
- 66/749 (9%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* 3C.2a, 157/749 (21%) al sottogruppo 3C.2a1 e 526/749 (70%) al sottogruppo 3C.3a; 167/370 (45,1%) 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 203 virus analizzati (54,9%) è

stata evidenziata una minore reattività nei confronti del suddetto ceppo vaccinale: 202 (99,5%) di questi appartenevano al *clade* 3C.3a;

- 271 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 131 appartenenti al lineaggio Yamagata e 140 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); 107 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, 23 ceppi (16%) sono correlati al *clade* 1A, mentre per altri 82 ceppi (59%) è stata evidenziata la delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA, tipica dei virus appartenenti al *sub-clade* V1A.1. In altri 35 ceppi (25%), 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, 82/108 (75,9%) virus B/Victoria analizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1), mentre gli altri 26 hanno mostrato una scarsa reattività nei confronti dell'antisiero di furetto ottenuto verso il suddetto ceppo vaccinale e sono risultati appartenenti al *clade* 1A o al *sub-clade* V1A-3Del.

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

EUROPA

L'ECDC (TESSy) segnala che su 43 Paesi che hanno comunicato dati, solo 4 continuano a riportare una circolazione sostenuta dei virus influenzali. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 16^a settimana di sorveglianza del 2019, è stata segnalata una positività del 17% al virus influenzale.

La maggior parte dei virus identificati appartiene al tipo A; tra i virus A sottotipizzati, quelli appartenenti al sottotipo H3N2 risultano ad oggi prevalenti rispetto agli H1N1pdm09. Sempre limitate sono le identificazioni relative ai virus di tipo B.

Nella 17^a settimana del 2019, vengono riportati i dati relativi a **1216** identificazioni virali.

In particolare:

- 1150 virus sono risultati appartenere al tipo A: di questi 66 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 139 come H3N2. Ulteriori 945 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 66 virus sono risultati appartenere al tipo B; nessuno di questi è stato ancora caratterizzato.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 17, 2019

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	47	1103	21081	179870
A(H1)pdm09	2	64	8738	35048
A (subtyping not performed)	31	914	5107	119997
A (H3)	14	125	7231	24808
Influenza B	0	66	246	1760
B(Vic) lineage	0	0	10	30
B(Yam) lineage	0	0	52	26
Unknown lineage	0	66	184	1704
Total	47	1169	21327	181630

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2019-05-02. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2019-05-02 at 16:30

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2018, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 2.834 ceppi virali:

- 2159/2161 (99,9%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo A/Michigan/45/2015; per 2 non è stata ancora attribuita la categoria.
- 461/648 (71%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016, mentre altri 121 al precedente ceppo vaccinale A/Hong Kong/4801/2014; 10 ceppi sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Sud per il 2019, A/Switzerland/8060/2017, mentre per altri 56 virus non è stata attribuita la categoria.
- 25 ceppi B sono stati caratterizzati antigenicamente e 14 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013, lineaggio Yamagata, mentre 3 degli altri 11 ceppi, appartenenti al lineaggio Victoria, sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1) e 6 al precedente ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008; per 2 ceppi 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** 3.620 ceppi virali:

- 1733/1733 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale dell'emisfero Nord;
- 1212/1841 (66%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b e 465/1841 (25%) al sottogruppo 3C.3a. I rimanenti virus (9%) sono distribuiti nei vari sottogruppi 3C.2a1 (ceppo di riferimento vaccinale A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016), 3C.2a2, 3C.2a3 e 3C.2a; per 6 ceppi non è stata attribuita la categoria.
- Tra i 46 virus B analizzati, 23 appartenevano al lineaggio Yamagata e sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3); tra i 23 virus appartenenti al lineaggio Victoria, 5 sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* V1A), 5 al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*clade* V1A-2Del) e 13 al ceppo B/Hong Kong/269/2017 (*clade* V1A-3Del).

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