



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 14 del 19 febbraio 2020

Settimana 07/2020

CENTRO NAZIONALE OMS per l'INFLUENZA / NIC-DMI

Responsabile: Maria Rita Castrucci

Gruppo di lavoro:

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

In evidenza:

In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) dei virus influenzali B circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2019/2020 (Figura 4).

ITALIA

Durante la settimana 07/2020 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **1.191** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e, tra i **1.054** analizzati, **391 (37%)** sono risultati positivi al virus influenzale. In particolare, 265 sono risultati di tipo **A** (139 di sottotipo **H3N2**, 95 di sottotipo **H1N1pdm09** e 31 non ancora sottotipizzati) e 126 di tipo **B**. Vengono segnalati, inoltre, quattro casi di co-infezione.

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 7^a settimana del 2020. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2019-07/2020). 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 7^a settimana del 2020

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	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
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	L. Atripaldi
PADOVA	UNIVERSITA'	A. Crisanti
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

Figura 1 Laboratori Influnet regionali che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 7^a settimana del 2020

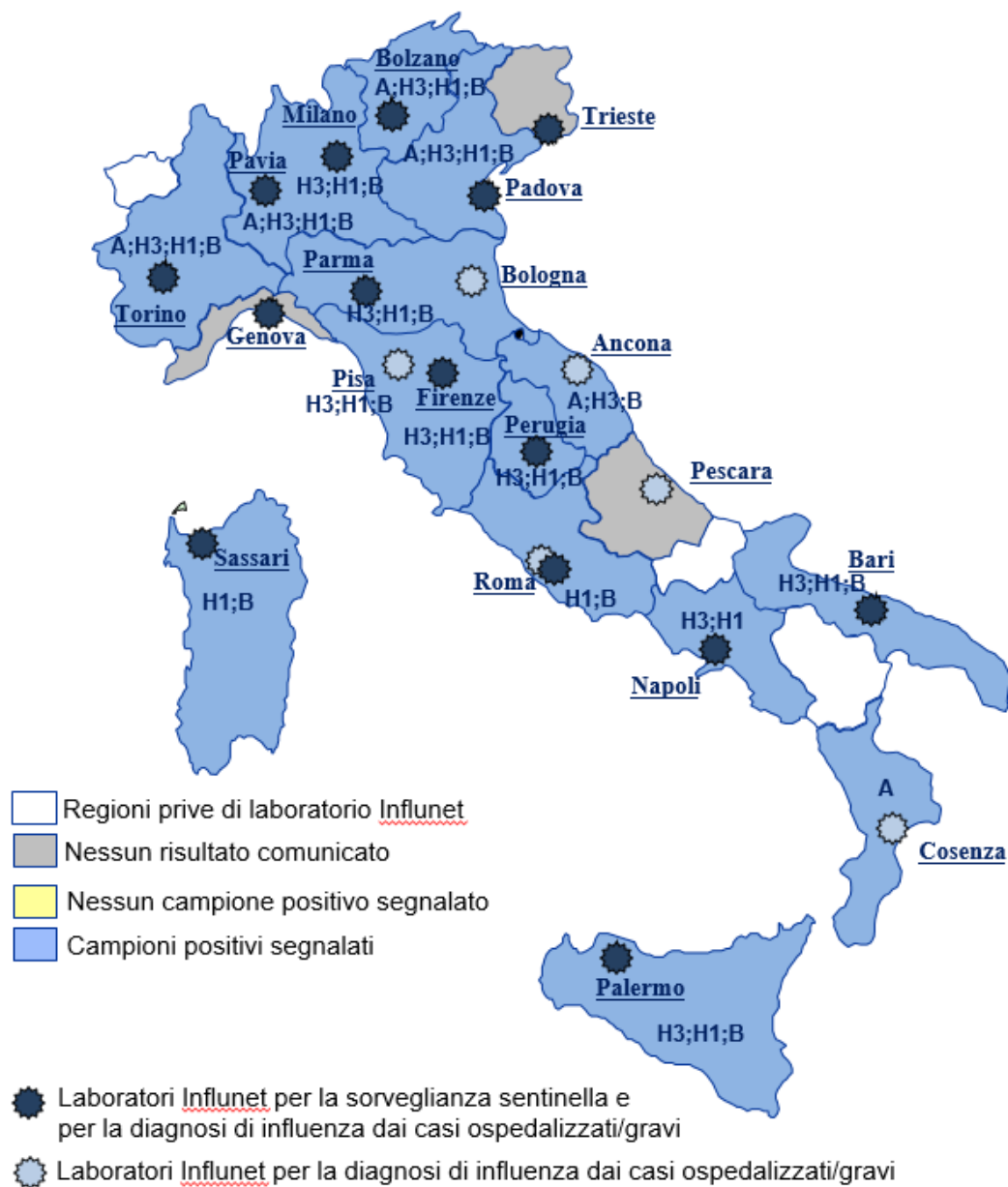


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia
(a partire dalla settimana 46/2019)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	TOT
FLU A	3	3	15	26	38	54	46	60	128	213	309	359	317	265	1836
A	0	0	0	1	0	5	4	5	3	10	12	20	24	31	115
A(H3N2)	2	1	9	22	27	42	31	30	70	99	166	191	172	139	1001
A(H1N1)pdm2009	1	2	6	3	11	7	11	25	55	104	131	148	121	95	720
FLU B	0	1	3	1	7	21	22	25	50	90	145	185	173	126	849
TOT POSITIVI	3	4	18	27	45	75	68	85	178	303	454	544	490	391	2685*

*Su un totale di 12569 campioni clinici pervenuti in laboratorio

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 2018/2019

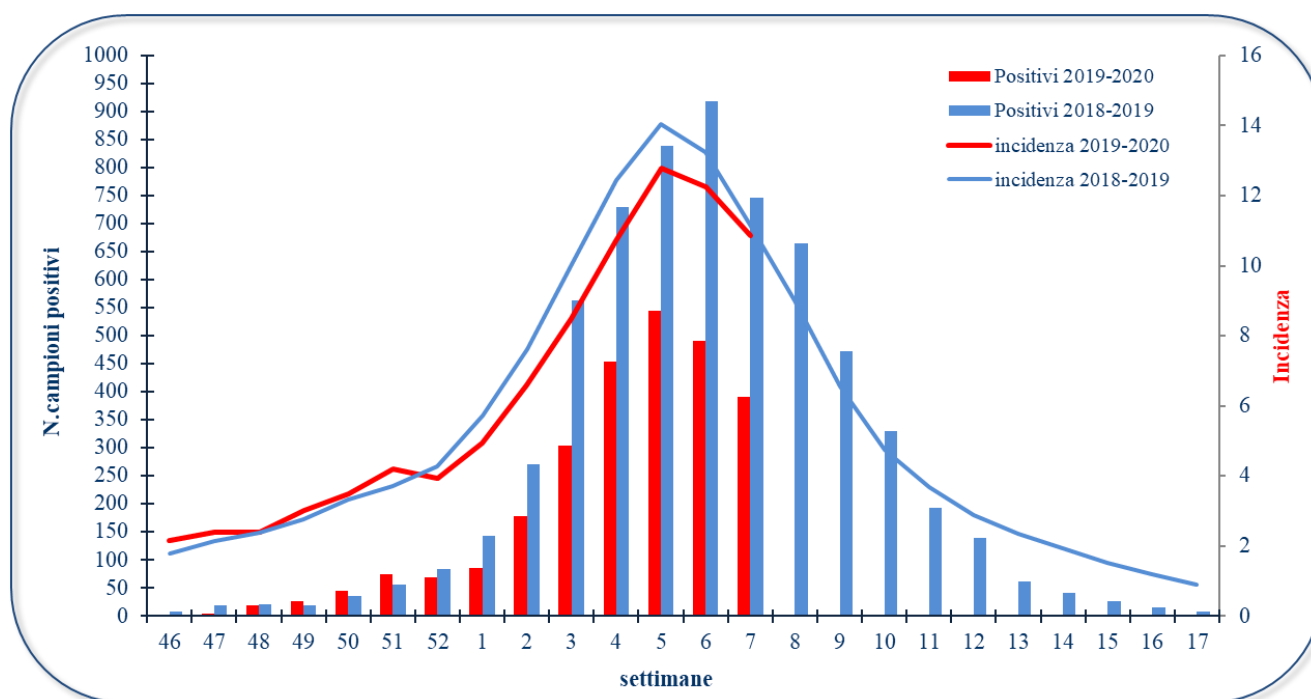
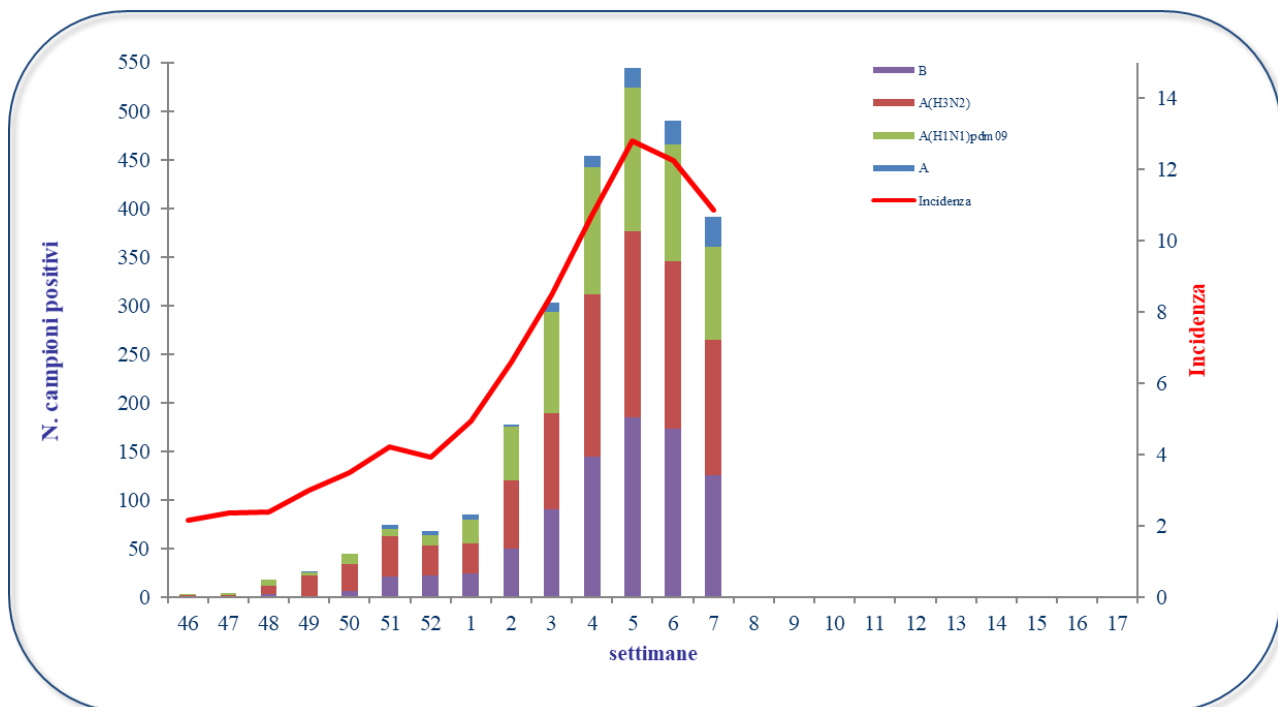


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2019/2020)



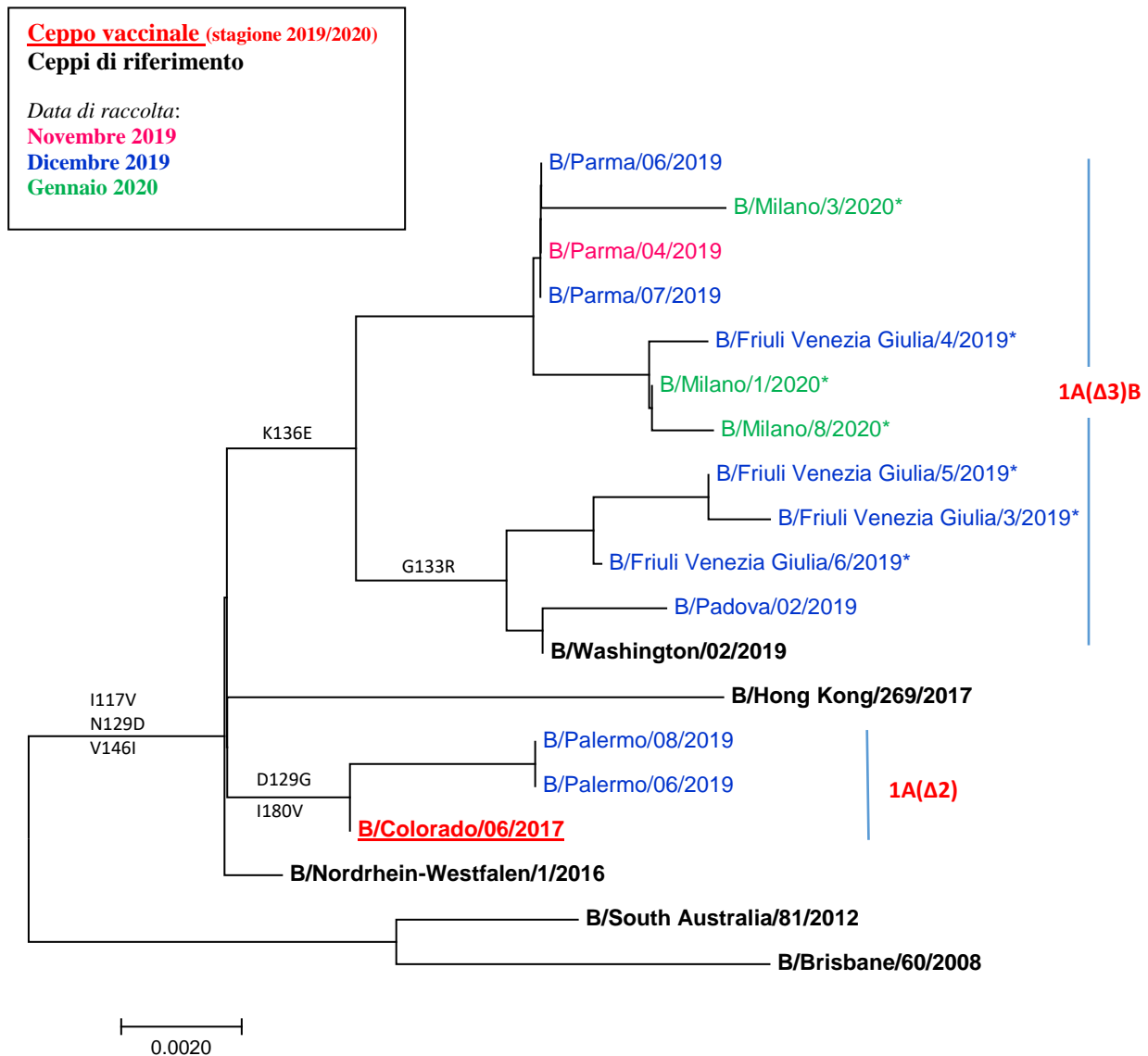
Virus B – Circolazione, caratteristiche ed analisi filogenetica

Nel complesso, dall'inizio della stagione fino alla settimana 07/2020, i virus B hanno rappresentato il 32% dei campioni risultati positivi all'influenza. Tra i ceppi B finora caratterizzati in Italia (30,4%), il 99,2% è risultato appartenere al lineaggio Victoria ed il restante 0,8% al lineaggio Yamagata.

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di una selezione di virus influenzali B, finora isolati in Italia, ne evidenzia l'appartenenza al lineaggio B/Victoria ed, in particolare, al gruppo genetico (*clade*) 1A(Δ 3)B, rappresentato dal ceppo di riferimento B/Washington/02/2019 (Figura 4). La maggior parte dei ceppi analizzati è risultata, infatti, possedere una tripla delezione (Δ 162-164) nel gene HA, mentre solo una minoranza presentava una doppia delezione (Δ 162-163), come riscontrato anche nel ceppo B/Colorado/06/2017 (*clade*) 1A(Δ 2), incluso nella composizione vaccinale per l'emisfero Nord per la stagione 2019/2020.

I ceppi fin qui analizzati nell'ambito del *clade* 1A(Δ 3)B presentavano tutti la sostituzione K136E in HA1, in confronto al ceppo B/Colorado/06/2017.

Figura 4. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus B/Victoria isolati in Italia durante la presente stagione 2019/2020 (analisi effettuate presso il NIC-ISS).



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

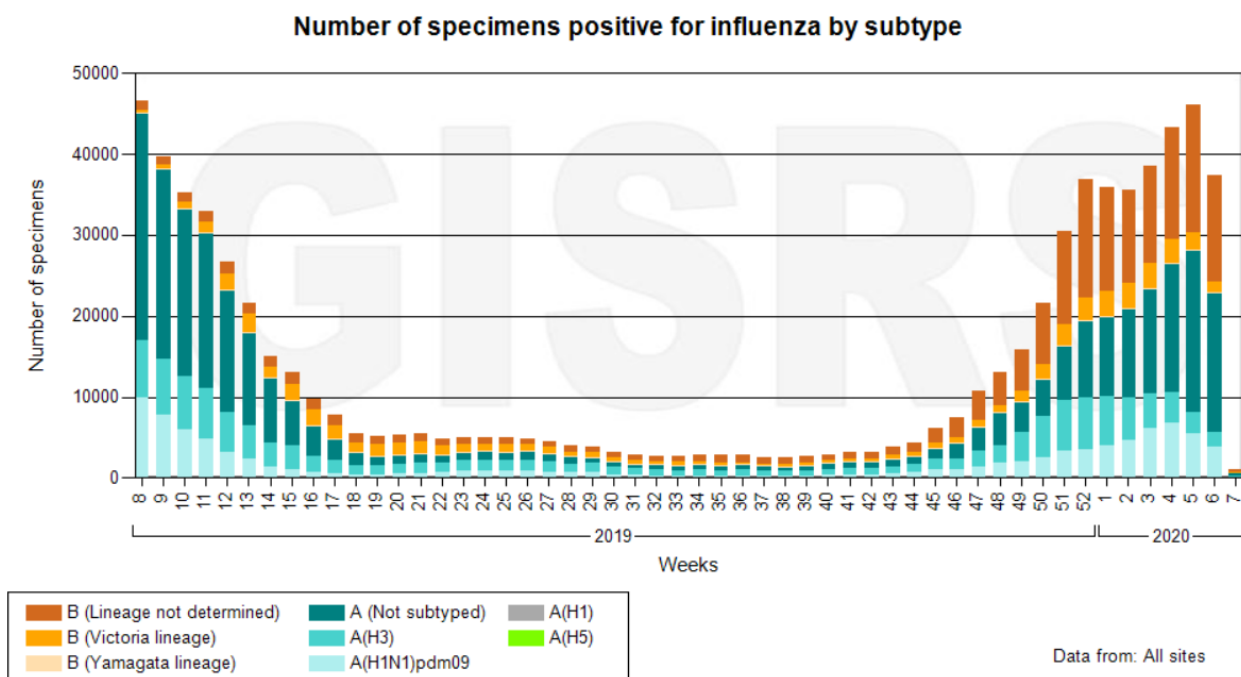
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nelle zone temperate dell'emisfero Nord, la circolazione dei virus influenzali rimane nel complesso elevata. Nel Nord America, la circolazione dei virus influenzali è sempre alta, con co-circolazione di virus A(H1N1)pdm09 e B, così come in Europa, anche se sembra che sia stato già raggiunto il picco epidemico in alcuni Paesi del Nord-Europa. In Asia Centrale, Orientale ed in Nord-Africa si osserva un incremento nella circolazione dei virus influenzali, mentre in Asia Occidentale, sebbene si mantenga nel complesso alta, è tornata a bassi livelli in alcuni Paesi.

Nelle zone temperate dell'emisfero sud la circolazione virale si mantiene a livelli inter-stagionali.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 7^a settimana di sorveglianza.

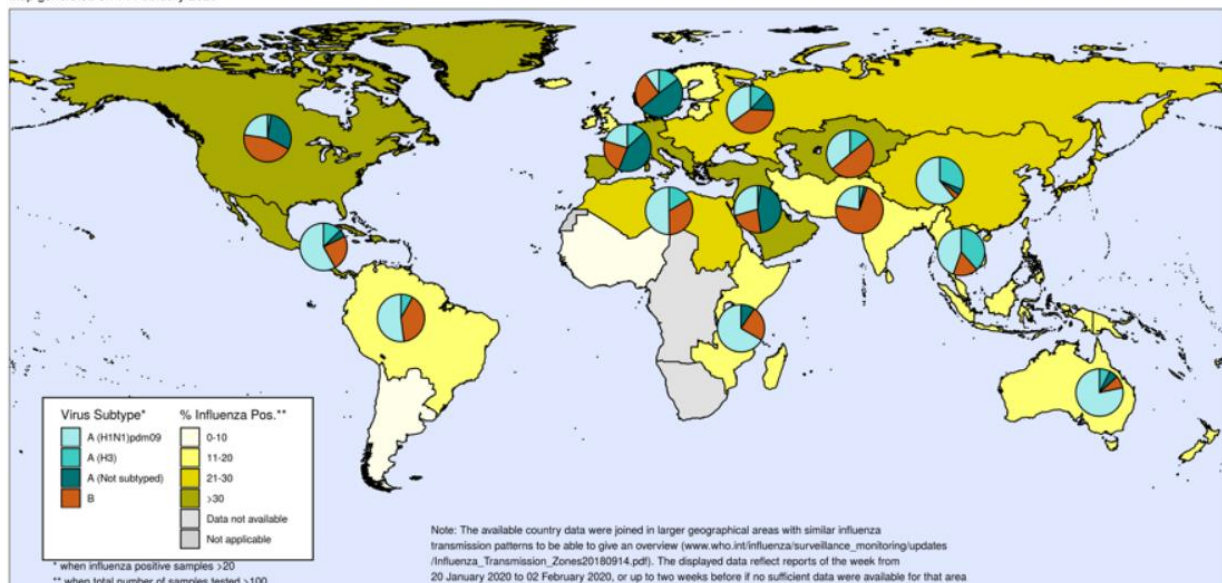
Global circulation of influenza viruses



Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (17 febbraio 2020) e relativo ad oltre 204.655 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 20 gennaio e il 2 febbraio 2020, 59.702 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 35.359 (59,2%) appartenevano al tipo A e 24.343 (40,8%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 7.321 (75,8%) erano H1N1pdm09 e 2.333 (24,2%) H3N2. Nell'ambito dei virus B identificati, 1.746 (98,5%) appartenevano al lineaggio Victoria e 26 (1,5%) al lineaggio Yamagata.

Nella seguente mappa viene indicata la proporzione globale dei campioni testati e risultati positivi al virus influenzale, aggiornata al 14 febbraio 2020.

Percentage of respiratory specimens that tested positive for influenza
By influenza transmission zone
Map generated on 14 February 2020



The boundaries and names shown and the designations used on this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted and dashed lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.

Data source: Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS), FluNet (www.who.int/fluNet)
Copyright WHO 2020. All rights reserved.



USA

Negli Stati Uniti la circolazione dei virus influenzali resta elevata nella maggior parte degli Stati, come evidenziato nella mappa sottostante aggiornata all'8 febbraio 2020.

Si riporta ancora una significativa co-circolazione di virus influenzali B/Victoria e A(H1N1)pdm09, sebbene la proporzione di questi ultimi risulti in aumento soprattutto nelle ultime settimane.



A Weekly Influenza Surveillance Report Prepared by the Influenza Division

Weekly Influenza Activity Estimates Reported by State and Territorial Epidemiologists*

Week Ending Feb 08, 2020 - Week 6



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

In particolare, nella sesta settimana di sorveglianza del 2020, sono stati testati **1.936** 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 **1.258** campioni risultati positivi al virus influenzale il 66,2% appartiene al tipo A; il sottotipo H1N1pdm09 risulta largamente prevalente (95,5%), rispetto al sottotipo H3N2 (4,5%). Nell'ambito dei virus B (33,8%), il 99,7% appartiene al lineaggio Victoria e soltanto lo 0,3% al lineaggio Yamagata.

	Week 6	Data Cumulative since September 29, 2019 (week 40)
No. of specimens tested	1,936	51,930
No. of positive specimens	1,258	28,040
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	833 (66.2%)	13,822 (49.3%)
(H1N1)pdm09	721 (95.5%)	12,088 (90.0%)
H3N2	34 (4.5%)	1,349 (10.0%)
Subtyping not performed	78	385
Influenza B	425 (33.8%)	14,218 (50.7%)
Yamagata lineage	1 (0.3%)	178 (1.6%)
Victoria lineage	361 (99.7%)	11,080 (98.4%)
Lineage not performed	63	2,960

Il CDC riporta che nell'ambito dei 1.462 ceppi virali, raccolti tra il 29 settembre e l'8 febbraio 2020, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche o antigeniche:

- 484/484 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A. Di questi ceppi, 74 sono stati caratterizzati anche a livello

antigenico e sono risultati correlati al ceppo A/Brisbane/02/2018, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2019/2020 nell'Emisfero Nord.

- 325/339 (95,9%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1, mentre gli altri 14 ceppi alla *clade* 3C.3a. Trentuno dei 72 (43,1%) ceppi antigenicamente caratterizzati hanno, tuttavia, mostrato una discreta reattività verso il ceppo A/Kansas/14/2017, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2019/2020 nell'Emisfero Nord.
- 639 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 60 appartenenti al lineaggio Yamagata e 579 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); 10 ceppi, caratterizzati a livello antigenico, sono risultati correlati al suddetto ceppo vaccinale, incluso nella formulazione quadrivalente del vaccino per la stagione 2019/2020 nell'Emisfero Nord.

Tutti i ceppi Victoria sono risultati filogeneticamente appartenenti alla *clade* 1A; in particolare, 49 ceppi (8,5%) sono risultati correlati al *sub-clade* 1A.1, in quanto caratterizzati dalla delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) in HA, mentre per altri 530 ceppi (91,5%) è stata evidenziata la delezione di 3 aminoacidi (162-164), tipica dei virus appartenenti al *sub-clade* V1A.3. Dal punto di vista antigenico, 53/88 (60,2%) virus B/Victoria analizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*sub-clade* V1A.1), incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2019/2020 nell'Emisfero Nord.

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

EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra una sostenuta circolazione dei virus influenzali in tutti i Paesi membri. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 6^a settimana di sorveglianza del 2020, è stata segnalata una positività del 51% al virus influenzale, in diminuzione rispetto alla settimana precedente (58%). Si osserva una co-circolazione di ceppi A e B, con leggera prevalenza dei virus di tipo A (60%), in particolare A(H1N1)pdm09 (57%).

Nella 7^a settimana del 2020, vengono riportati i dati relativi a **11.737** identificazioni virali. In particolare:

- 7.725 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 2.066 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 951 come H3N2. Ulteriori 4.708 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 4.012 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 206 sono stati caratterizzati come appartenenti al lineaggio B/Victoria e 2 come B/Yamagata. I rimanenti 3.804 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 7, 2020

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	686	7039	8651	79937
A(H1)pdm09	333	1733	4822	12564
A (subtyping not performed)	144	4564	625	54767
A (H3)	209	742	3201	12605
Influenza B	439	3573	4329	22238
B(Vic) lineage	109	97	1503	1158
B(Yam) lineage	2	0	19	54
Unknown lineage	328	3476	2807	21026
Total	1125	10612	12980	102175

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2020-02-19. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2020-02-19 at 18:00

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2019, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 1.422 ceppi virali:

- 419/480 (87,3%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo A/Brisbane/02/2018; per 61 non è stata ancora attribuita la categoria;
- 627/690 (90,8%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati al ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Kansas/14/2017, altri 8 al nuovo ceppo vaccinale dell'emisfero Sud, A/South Australia/34/2019, 14 al ceppo A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016, 11 al ceppo A/Switzerland/8060/2017, mentre per 30 non è stata ancora attribuita la categoria;
- 252 sono i virus di tipo **B** antigenicamente caratterizzati e, di questi, 250 sono risultati appartenere al lineaggio Victoria e 2 al lineaggio Yamagata. Nell'ambito dei ceppi Victoria, 131 sono risultati correlati al ceppo B/Washington/02/2019 (ceppo vaccinale raccomandato per la stagione 2020 nell'emisfero Sud), 118 al ceppo B/Colorado/06/2017, mentre per uno non è stata ancora attribuita la categoria. Nell'ambito dei ceppi Yamagata, 2 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2019, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 1.945 ceppi virali:

- 633/696 (91%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al ceppo di riferimento A/Norway/3433/2018 e 35 al ceppo A/Switzerland/3330/2018, entrambi appartenenti al sottogruppo 6B.1A5; 13 virus sono risultati invece correlati al ceppo A/Slovenia/1489/2019, appartenente al sottogruppo 6B.1A7, e 7 al ceppo A/Brisbane/02/2018;
- 423/799 (52,9%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere alla *clade* 3C.3a (A/Kansas/14/2017, ceppo vaccinale raccomandato per la stagione 2019/2020 nell'emisfero Nord), 247/799 (30,9%) sono risultati correlati al ceppo di riferimento A/South Australia/34/2019 (ceppo vaccinale raccomandato per la stagione 2020 nell'emisfero Sud), appartenente al sottogruppo 3C.2a1b, e 127 ad altri ceppi di riferimento (A/Hong Kong/2675/2019, A/La Rioja/22202/20187) sempre appartenenti al sottogruppo 3C.2a1b;
- Dei 537 virus B analizzati, 28 appartenevano al lineaggio Yamagata e, di questi, 26 sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3). Tra i 509 virus appartenenti al lineaggio Victoria, 15 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Colorado/06/2017 (*clade* V1A-2Del), 478 al ceppo B/Washington/02/2019 (*clade* V1A-3Del); per 13 non è stata ancora attribuita la categoria.

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