



NIC - MIPI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - M.I.P.I.  
MIPI 16/03/2016-0000392  
  
Documento Interno SGP 1

# Rapporto N. 18 del 16 marzo 2016

**Settimana 10/2016**

**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:

- Sulla base dei dati raccolti in quest'ultima settimana, sembra che il picco stagionale della circolazione dei virus influenzali sia stato ormai raggiunto.
- Nel complesso, ad oggi in Italia, si registra una lieve prevalenza nella circolazione dei virus influenzali di tipo B (56%) rispetto ai virus A e, nell'ambito dei virus di tipo A sottotipizzati, i ceppi H3N2 risultano leggermente dominanti (63%) rispetto agli H1N1pdm09.
- In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi evolutive condotte sul dominio HA1 del gene dell'emagglutinina (HA) di alcuni virus influenzali di tipo B, rappresentativi della stagione in corso (Figura 4).

## ITALIA

Durante la settimana 10/2016 sono stati raccolti **519** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet, di cui **159 (31%)** sono risultati positivi al virus influenzale (71 di tipo **A** e 88 di tipo **B**). Nell'ambito del tipo A, 48 virus sono risultati di sottotipo **H3N2**, e 10 di sottotipo **H1N1pdm09**; i restanti 13 virus A segnalati non sono stati ancora sottotipizzati.

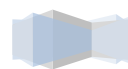
Tra i ceppi B, 44 sono stati caratterizzati, di cui 42 appartenenti al lineaggio B/Victoria e 2 al lineaggio B/Yamagata.

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. 41/2015-10/2016).

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.

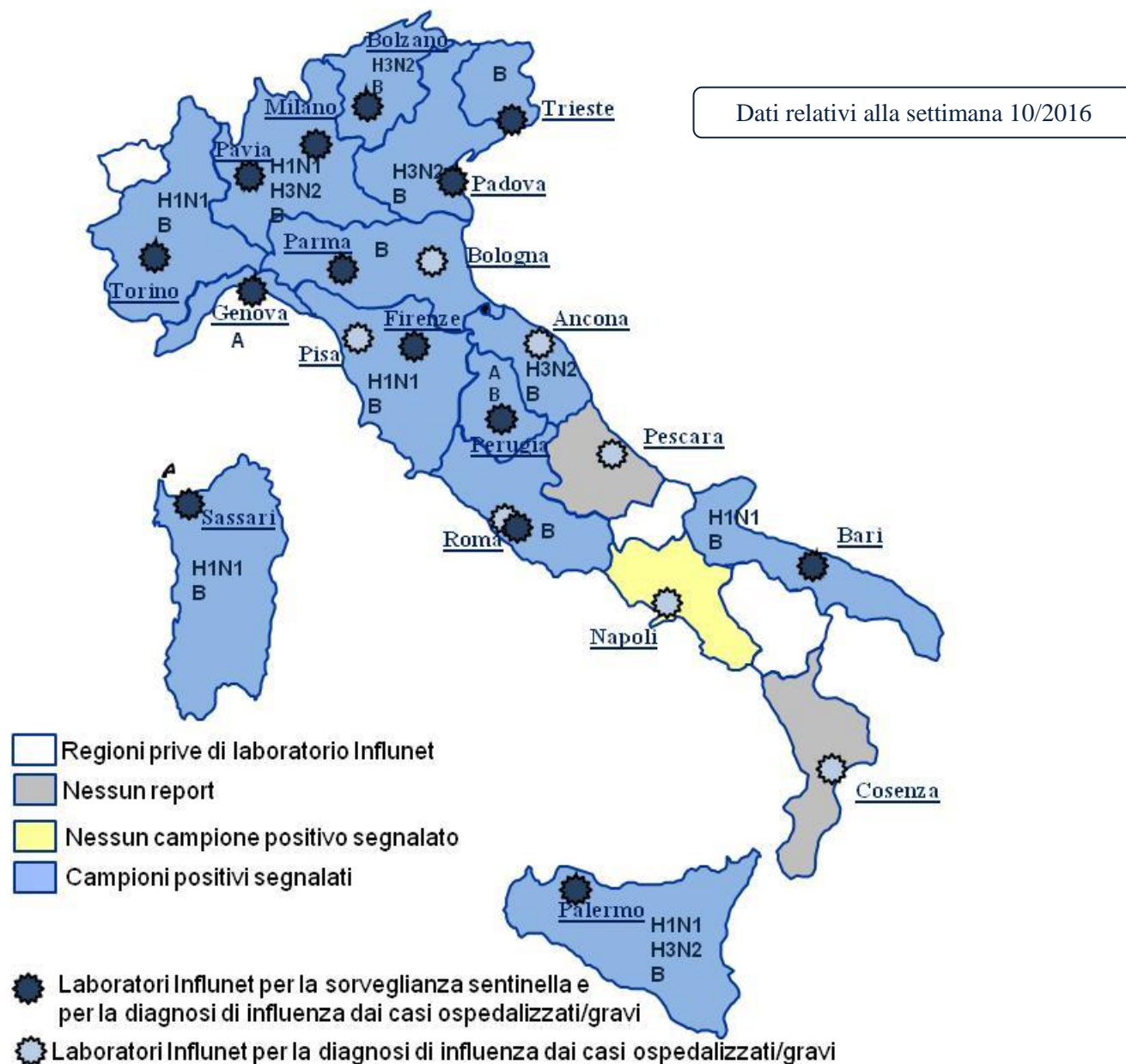


**Tabella 1** Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 10<sup>a</sup> settimana del 2016

Città	Laboratorio	Referente
<b>ANCONA</b>	AO Ospedali Riuniti	P. Bagnarelli
<b>BARI</b>	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
<b>BOLZANO</b>	AS Alto Adige	E. Pagani
<b>FIRENZE</b>	UNIVERSITA'	A. Azzi
<b>GENOVA</b>	UNIVERSITA'	F. Ansaldi
<b>MILANO</b>	UNIVERSITA'	A. Zanetti
<b>NAPOLI</b>	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	R. Smeraglia
<b>PADOVA</b>	UNIVERSITA'	G. Palù
<b>PALERMO</b>	UNIVERSITA'	F. Vitale
<b>PARMA</b>	UNIVERSITA'	P. Affanni
<b>PAVIA</b>	IRCCS San Matteo	F. Baldanti
<b>PERUGIA</b>	UNIVERSITA'	B. Camilloni
<b>ROMA</b>	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
<b>SASSARI</b>	UNIVERSITA'	C. Serra
<b>TORINO</b>	AO Amedeo di Savoia	V. Ghisetti
<b>TRIESTE</b>	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



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



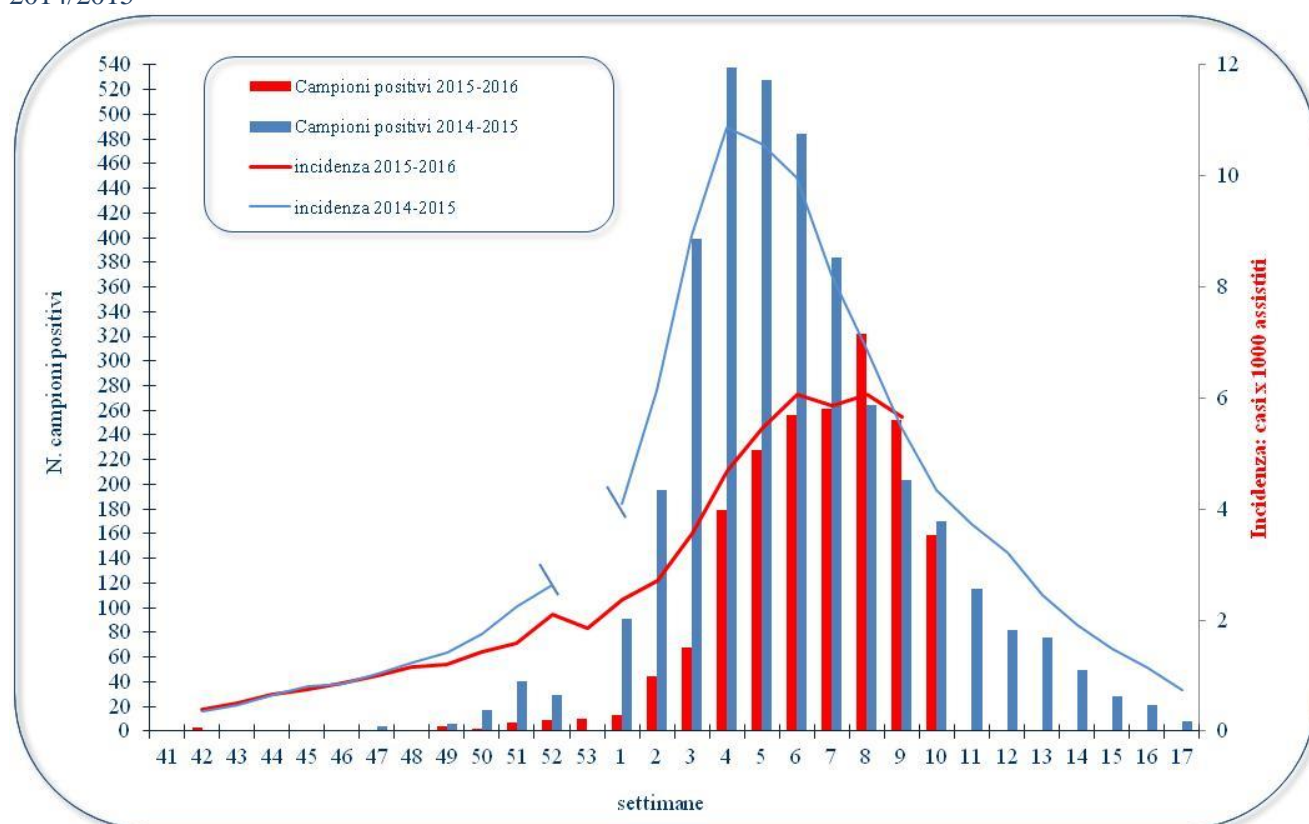
**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 41/2015).

	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	TOT
<b>FLU A</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>26</b>	<b>34</b>	<b>77</b>	<b>95</b>	<b>119</b>	<b>107</b>	<b>125</b>	<b>102</b>	<b>71</b>	<b>799</b>
A									1				1	3	5	1	9	7	6	5	7	11	13	<b>69</b>
A(H3N2)	1	1						1	1	1	2	3	5	5	7	17	40	49	73	73	80	53	48	<b>460</b>
A(H1N1)pdm2009		1								1	4	6	4	2	14	16	28	39	40	29	38	38	10	<b>270</b>
<b>FLU B</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>18</b>	<b>34</b>	<b>102</b>	<b>133</b>	<b>137</b>	<b>154</b>	<b>197</b>	<b>150</b>	<b>88</b>	<b>1021</b>
<b>TOT POSITIVI</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>7</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	<b>44</b>	<b>68</b>	<b>179</b>	<b>228</b>	<b>256</b>	<b>261</b>	<b>322</b>	<b>252</b>	<b>159</b>	<b>1.820*</b>

\*Su un totale di 6.989 campioni clinici raccolti

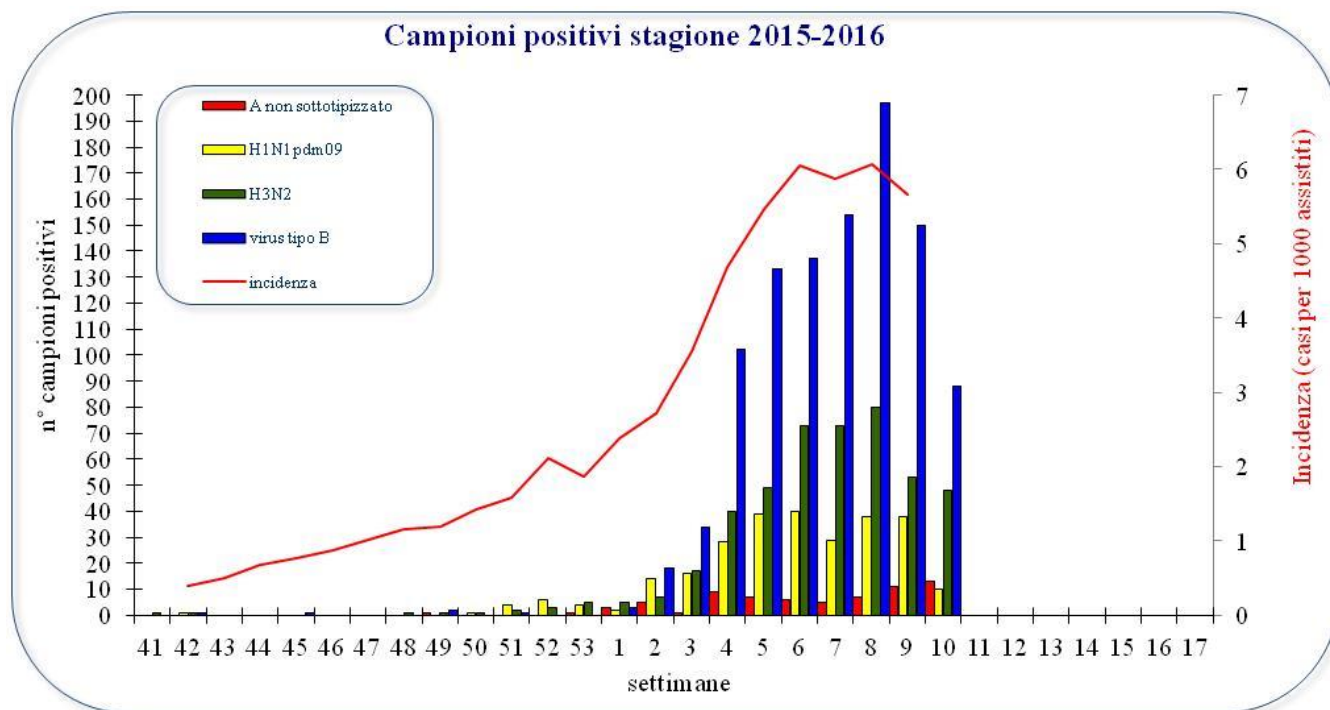
N.B. Le apparenti discrepanze rispetto alla tabella della settimana scorsa sono dovute agli aggiornamenti conseguenti ad approfondimenti nelle analisi diagnostiche (tipo/sottotipo).

**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.

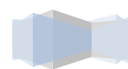
**Figura 3** Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo



## Caratterizzazione molecolare ed analisi filogenetica - Virus B

L'analisi filogenetica relativa al dominio HA1 di alcuni virus influenzali di tipo B, isolati nella presente stagione in Italia, evidenzia l'appartenenza della maggior parte di essi al lineaggio B/Victoria ed, in particolare, al gruppo genetico (*clade*) 1A, rappresentato dal ceppo di riferimento B/Brisbane/60/2008, incluso nella nuova composizione del vaccino trivalente per la stagione 2016/2017 nel nostro emisfero (Figura 4). I ceppi appartenenti a questo *clade*, a cui afferisce anche la maggior parte dei ceppi B recentemente isolati in Europa, sono caratterizzati dalle sostituzioni aminoacidiche N75K, N165K e S172P, in confronto al vecchio ceppo vaccinale B/Malaysia/2506/2004. Inoltre, gli isolati italiani finora analizzati si raggruppano per lo più in un *sub-cluster* caratterizzato da ulteriori sostituzioni (N129D, V146I, I117V), così come la maggior parte dei più recenti ceppi B/Victoria circolanti in Europa.

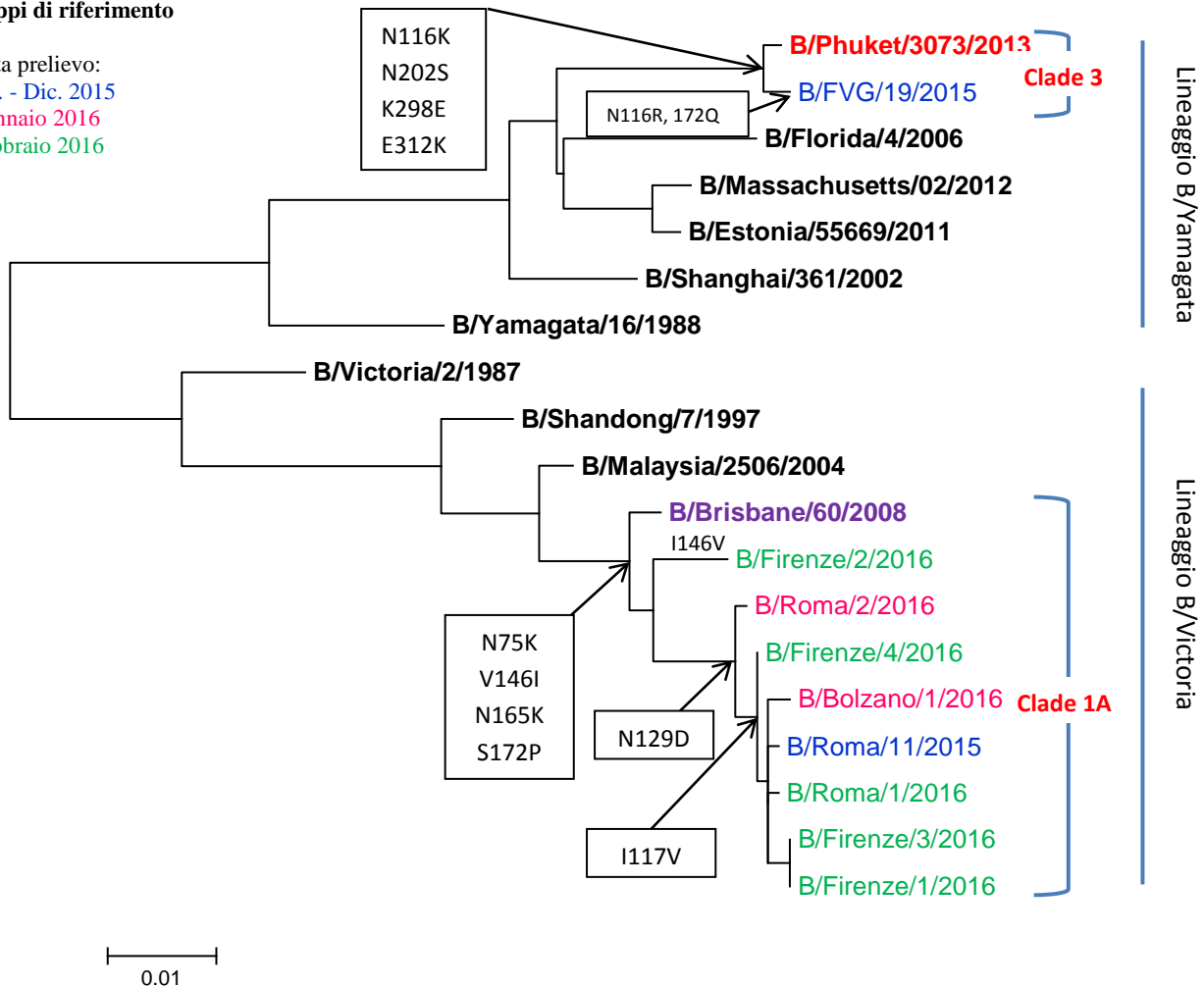
In Figura 4, l'unico ceppo B appartenente al lineaggio B/Yamagata si raggruppa nel *clade* 3 (ceppo di riferimento: B/Phuket/3073/2013). Rispetto al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013, il suddetto virus presenta ulteriori sostituzioni aminoacidiche in HA1, in particolare N116R e L172Q.



Ceppo vaccinale (stag. 2015/2016)  
Ceppo vaccinale (stag. 2016/2017)

Ceppi di riferimento

Data prelievo:  
Ott. - Dic. 2015  
Gennaio 2016  
Febbraio 2016



**Figura 4.** Relazioni filogenetiche relative al dominio HA1 di virus umani di tipo B in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.

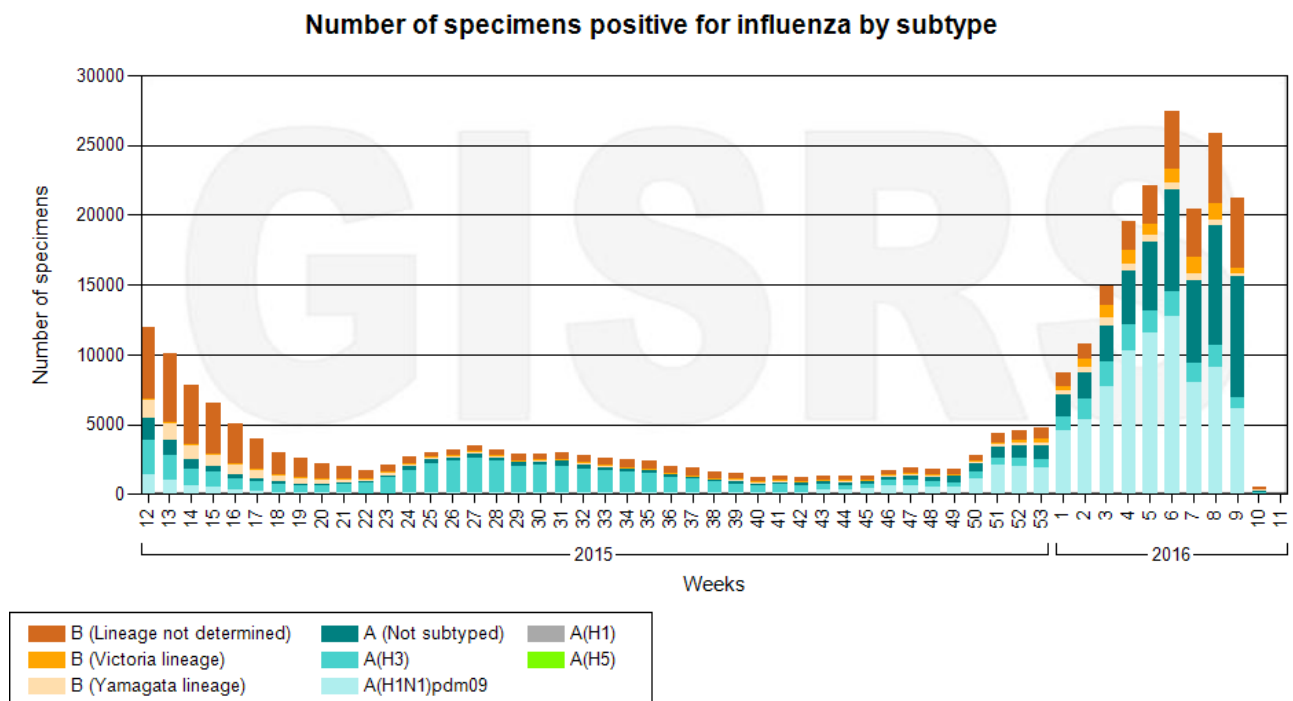




## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali rimane sostenuta nell'emisfero Nord, con i ceppi A(H1N1)pdm09 ancora predominanti. Viene riportato un aumento nel numero di identificazioni virali relative ai ceppi di tipo B.

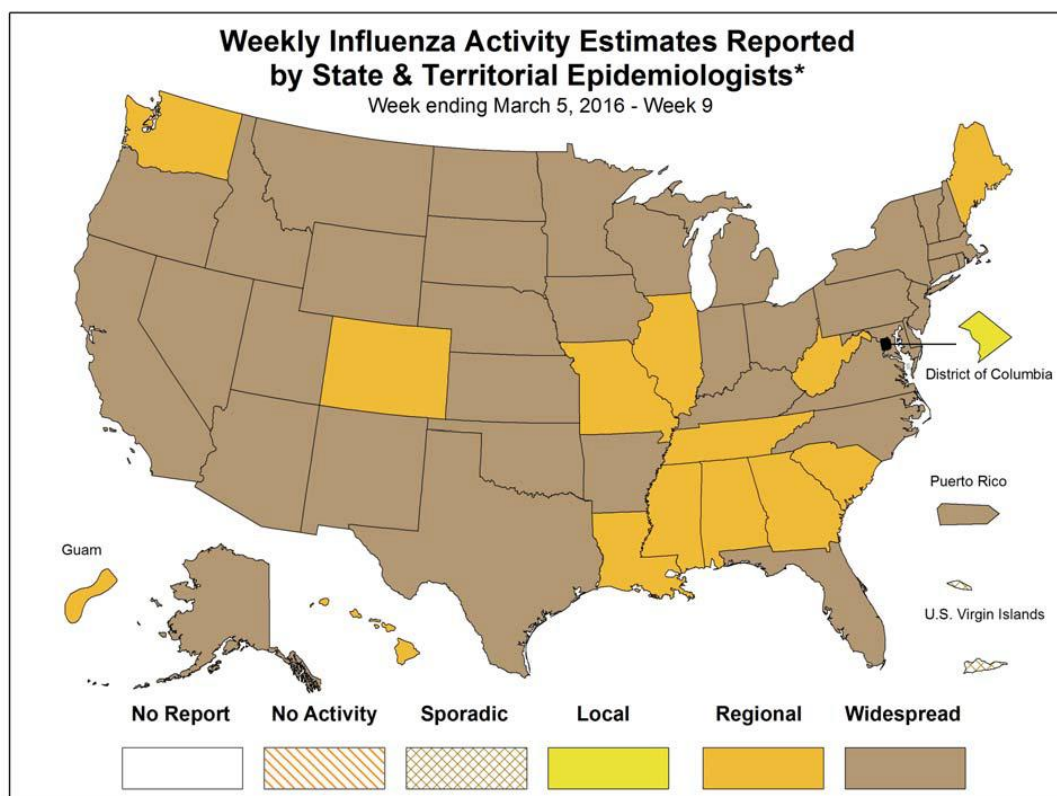
Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 9<sup>a</sup> settimana di sorveglianza.



## USA

La figura sottostante si riferisce alla 9<sup>a</sup> settimana di sorveglianza (ultimo aggiornamento: 5 marzo 2016).

La circolazione dei virus influenzali rimane elevata in tutti gli USA. I ceppi A(H1N1)pdm09 continuano ad essere dominanti. La percentuale dei campioni clinici risultati positivi al virus influenzale registra un ulteriore incremento.



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



In particolare, nella 9<sup>a</sup> settimana di sorveglianza, sono stati testati **1.880** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e **1.074 (57%)** sono risultati positivi al virus influenzale. I ceppi di tipo A (75,4%) sono sempre prevalenti rispetto ai virus tipo B (24,6%). Tra i virus di tipo A sottotipizzati, 66 sono risultati H3N2 (8,1%) e 676 H1N1pdm09 (83,5%). Nell'ambito dei 153 ceppi B caratterizzati, 100 sono risultati appartenenti al lineaggio Yamagata e 53 al lineaggio Victoria.

	Week 9	Data Cumulative since October 4, 2015 (Week 40)
No. of specimens tested	1.880	39.624
No. of positive specimens	1.074	10.600
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	810 (75,4%)	7.888 (74,4%)
H1N1pdm09	676 (83,5%)	6.080 (77,1%)
H3	66 (8,1%)	1.598 (20,3%)
Subtyping not performed	68 (8,4%)	210 (2,7%)
Influenza B	264 (24,6%)	2.712 (25,6%)
Yamagata lineage	100 (37,9%)	1.077 (39,7%)
Victoria lineage	53 (20,1%)	403 (14,9%)
Lineage not performed	111 (42,0%)	1.232 (45,4%)

Il CDC riporta che, nell'ambito delle 970 caratterizzazioni finora effettuate a partire dal 1° ottobre 2015:

- 385/385 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 275/275 (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, 113 ceppi sono stati antigenicamente caratterizzati e 106/113 (93,8%) sono risultati A/Switzerland/9715293/2013-like in saggi HI o di neutralizzazione;
- 310 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 205 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata) e 105 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 ancora una circolazione sostenuta di virus influenzali, prevalentemente nei paesi dell'Europa occidentale, settentrionale e centrale. Nell'ambito della sorveglianza sentinella, si evidenzia questa settimana un leggero decremento nella proporzione di campioni clinici risultati positivi all'influenza (44%). Le identificazioni virali relative ai ceppi di tipo B corrispondono ora al 55% dei campioni risultati positivi (47% nella precedente settimana) mentre, nell'ambito del tipo A, i ceppi H1N1pdm09 rimangono prevalenti (87% dei virus A sottotipizzati), ad eccezione dell'Italia e della Slovenia dove si osserva una maggiore circolazione di ceppi H3N2.

Nella 10<sup>a</sup> settimana, vengono riportati ad oggi i dati relativi a 4.209 identificazioni virali. In particolare:

- 2.275 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 1.174 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 143 come H3N2. Ulteriori 958 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 1.934 virus sono risultati appartenenti al tipo B; tra questi, 354 sono risultati appartenere al lineaggio B-Victoria e soltanto 9 sono risultati appartenere al lineaggio B-Yamagata. I 1.571 rimanenti ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

### Total of Viral Detections in the Season up till Week 10, 2016

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	262	2013	8695	69195
A(H1)pdm09	188	986	7159	41807
A (subtyping not performed)	30	928	418	23741
A (H3)	44	99	1108	3599
Influenza B	412	1522	4762	15209
B(Vic) lineage	289	65	2306	1104
B(Yam) lineage	4	5	63	161
Unknown lineage	119	1452	2393	13944
<b>Total</b>	<b>674</b>	<b>3535</b>	<b>13457</b>	<b>84404</b>

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2016-03-16. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2016-03-16 at 15:00



La caratterizzazione molecolare condotta su 2.495 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 345 virus H3N2 isolati mostrano che 228 ceppi (66%) risultano appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 111 (32%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013) ed i restanti 6 (2%) al sottogruppo 3C.3 (A/Samara/73/2013).

Nell'ambito dei 531 virus di tipo B finora analizzati, 444 (84%) sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria e 87 (16%) al lineaggio B/Yamagata.

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

