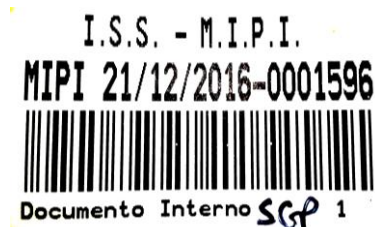




NIC - MIPI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 5 del 21 dicembre 2016

Settimana 50/2016

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 12



In evidenza:

Nel presente report viene incluso un aggiornamento sui risultati dell'analisi filogenetica condotta sulle emagglutinine (HA) di alcuni virus influenzali A(H3N2), circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2016/2017 (Figura 2).

ITALIA

Durante la settimana 50/2016 sono stati raccolti **410** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet. Tra questi, 102 sono risultati positivi, di cui 95 di sottotipo H3N2, 6 A non ancora sotto tipizzati e 1 di tipo B.

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

In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46-50/2016).

Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 50^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'	G. M. Rossolini
GENOVA	UNIVERSITA'	F. Ansaldi
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	R. Smeraglia
PADOVA	UNIVERSITA'	G. Palù
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
ROMA	UNIVERSITA' SACRO CUORE	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



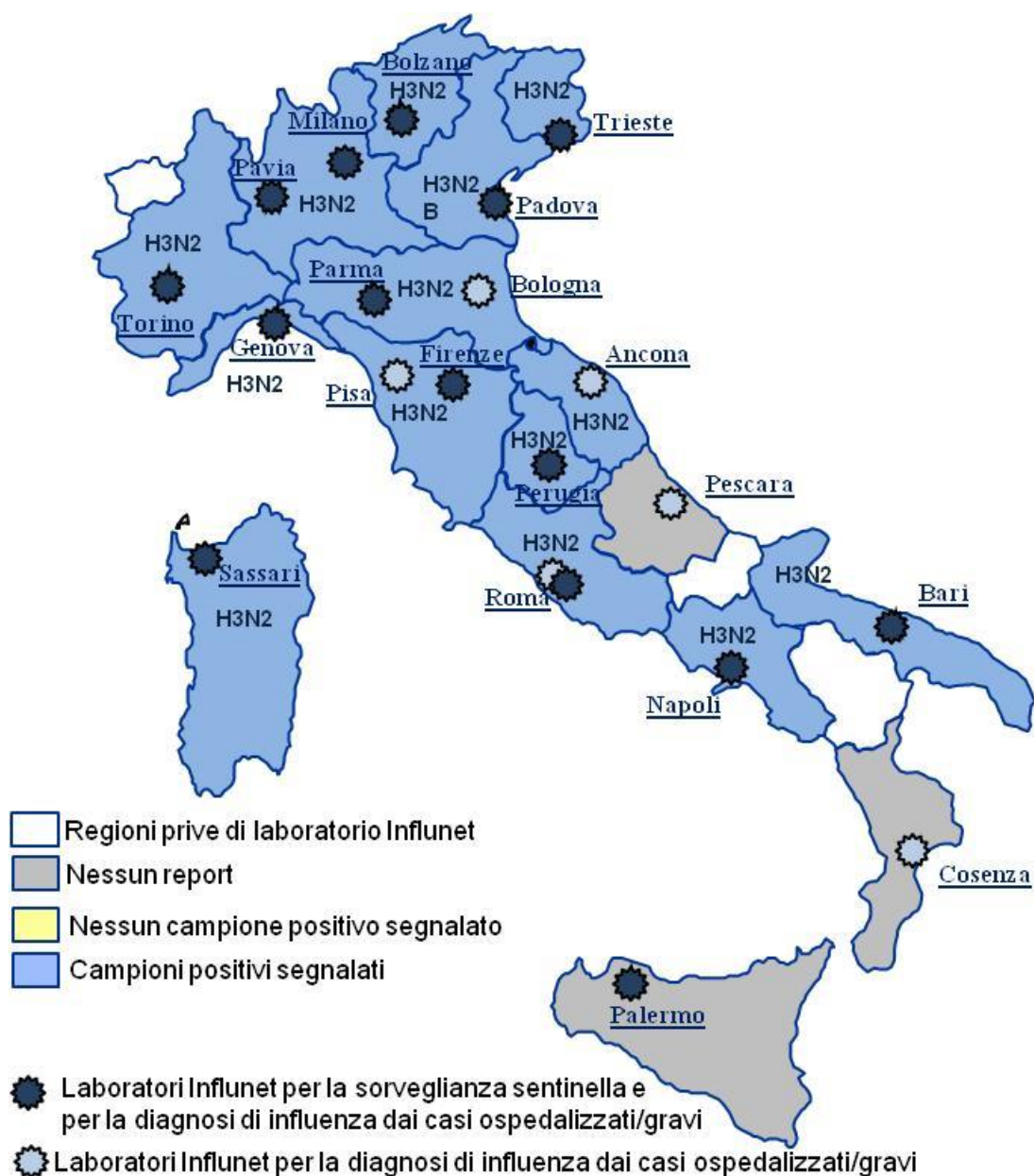


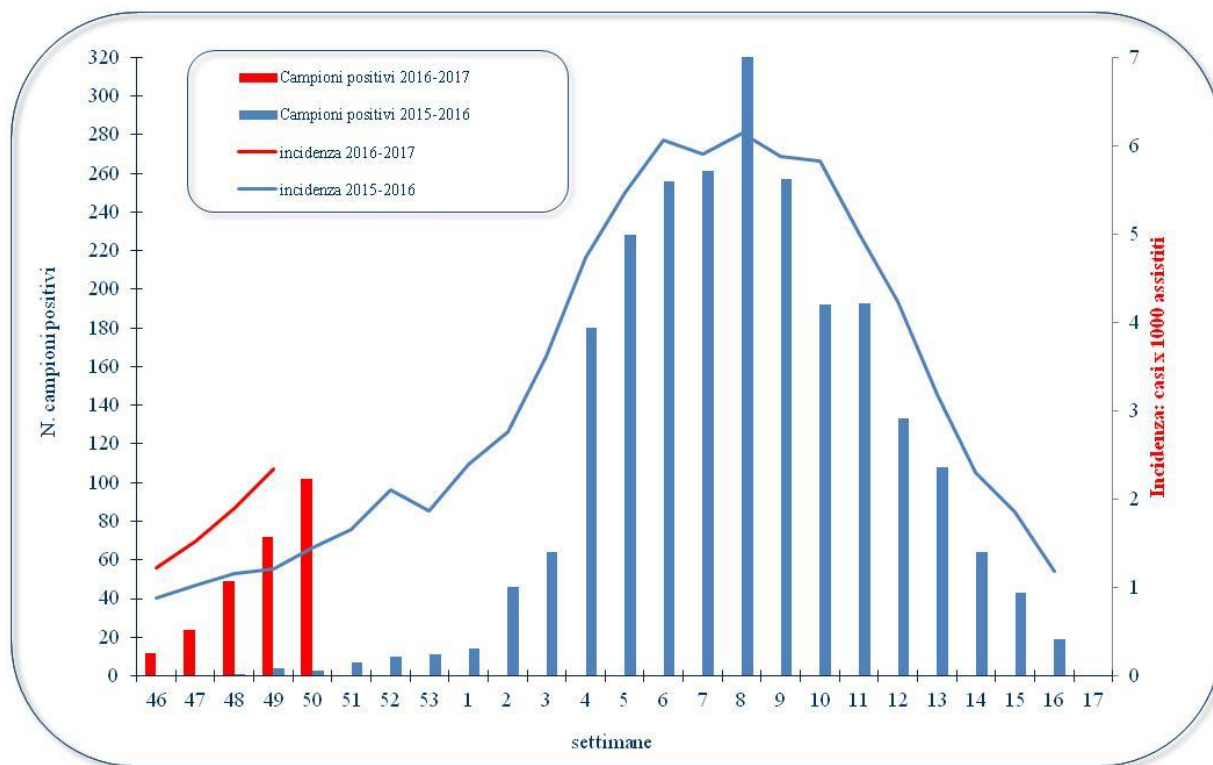
Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2016).

	46	47	48	49	50	TOT
FLU A	12	22	49	72	101	256
A	2		1	2	6	11
A(H3N2)	10	21	48	67	95	241
A(H1N1)pdm09		1		3		4
FLU B	0	2	0	0	1	3
TOT POSITIVI	12	24	49	72	102	259*

*Su un totale di 1.436 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 1 Andamento settimanale dei campioni positivi della presente stagione rispetto alla stagione 2015/2016



ANALISI FILOGENETICA DEI VIRUS INFLUENZALI A(H3N2) ATTUALMENTE CIRCOLANTI IN ITALIA

L'analisi filogenetica relativa al gene HA dei primi virus influenzali A(H3N2) isolati in Italia nella presente stagione (Figura 2) ha confermato la stretta correlazione con virus di riferimento appartenenti al sottogruppo genetico **3C.2a**, caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche N144S, F159Y, K160T, N225D e Q311H, a cui appartiene anche il ceppo A/Hong Kong/4801/2014, incluso nella composizione vaccinale per l'attuale stagione. Nell'ambito del raggruppamento 3C.2a è stato identificato un ulteriore sottogruppo, denominato **3C.2a1**, in cui confluiscono la maggior parte dei ceppi isolati più di recente in Italia ed in Europa. Tale sottogruppo è caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive N171K, I406V e G484E, talvolta associate anche alla mutazione N121K.

In particolare, come evidenziato in Figura, su 10 ceppi virali finora analizzati in Italia ed appartenenti al sottogruppo 3C.2a, 8 confluiscono nel sottogruppo 3C.2a1.

Come riportato nella passata stagione influenzale, permangono i problemi associati alla caratterizzazione antigenica dei virus appartenenti al sottogruppo genetico 3C.2a, a causa di una ridotta capacità di agglutinare i globuli rossi di diverse specie animali.

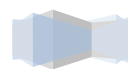


Figura 2. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di alcuni virus umani di sottotipo A(H3N2) in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.

Ceppo vaccinale

Ceppi di riferimento

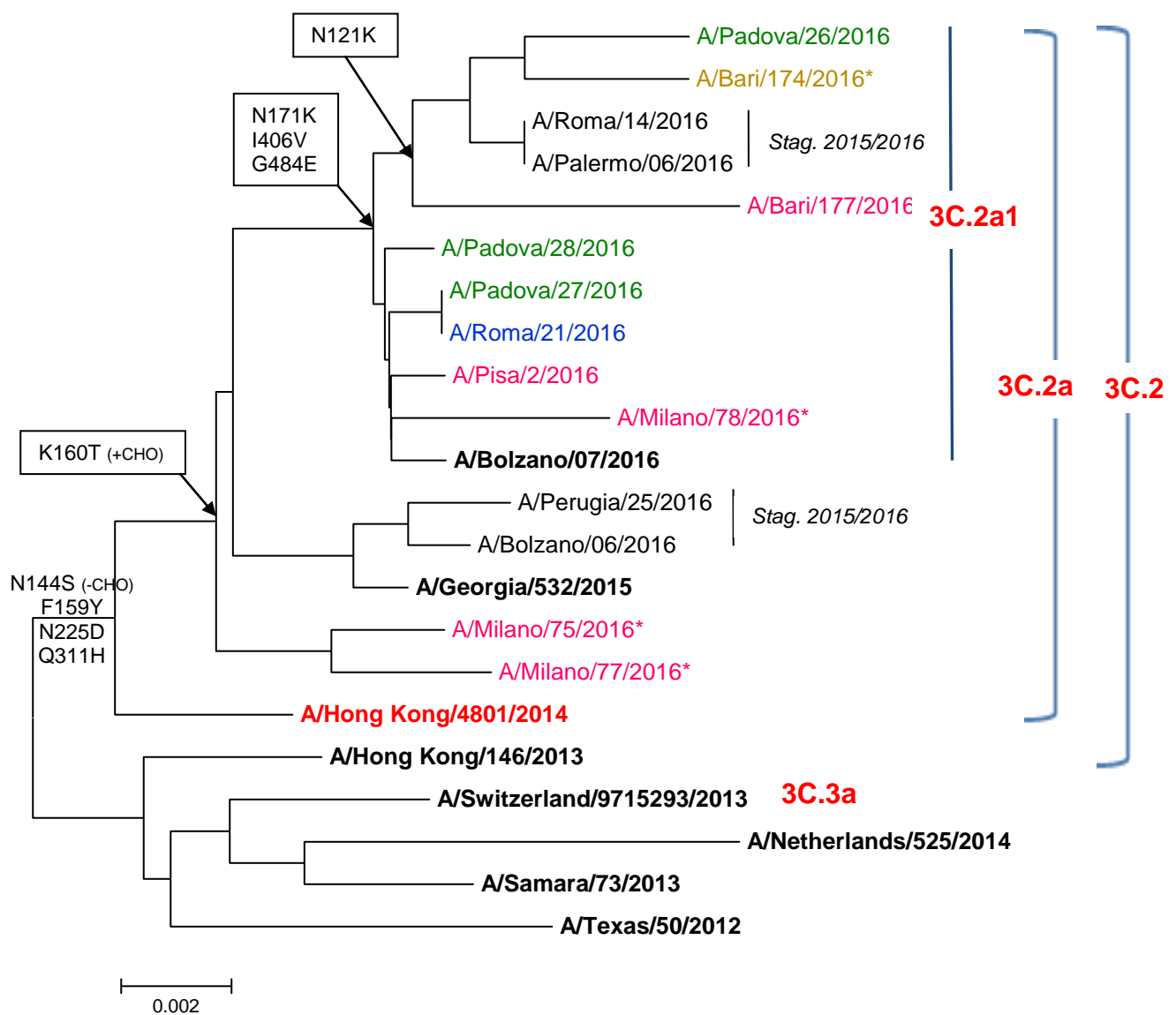
Data prelievo:

Settembre 2016

Ottobre 2016

Novembre 2016

Dicembre 2016



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale



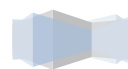
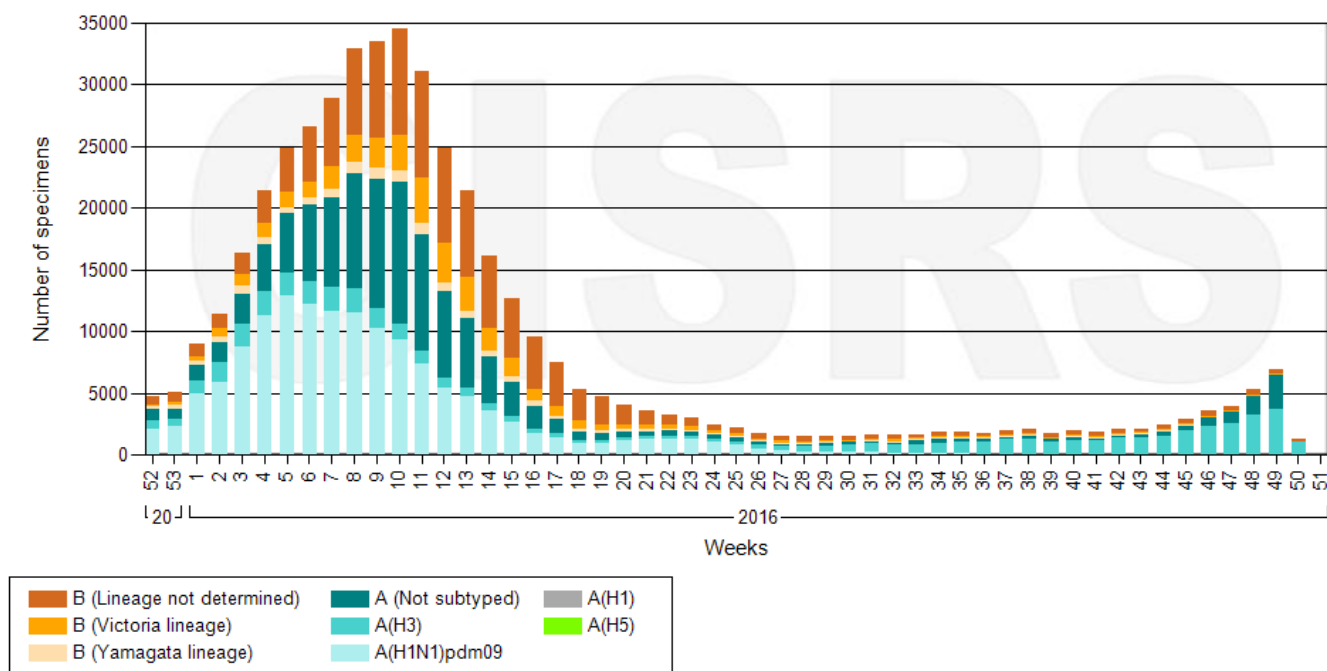
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente la circolazione dei virus influenzali nell'emisfero Nord è in leggero aumento e, nel complesso, i virus di tipo A appartenenti al sottotipo H3N2 sono dominanti.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 49^a settimana di sorveglianza.

Global circulation of influenza viruses

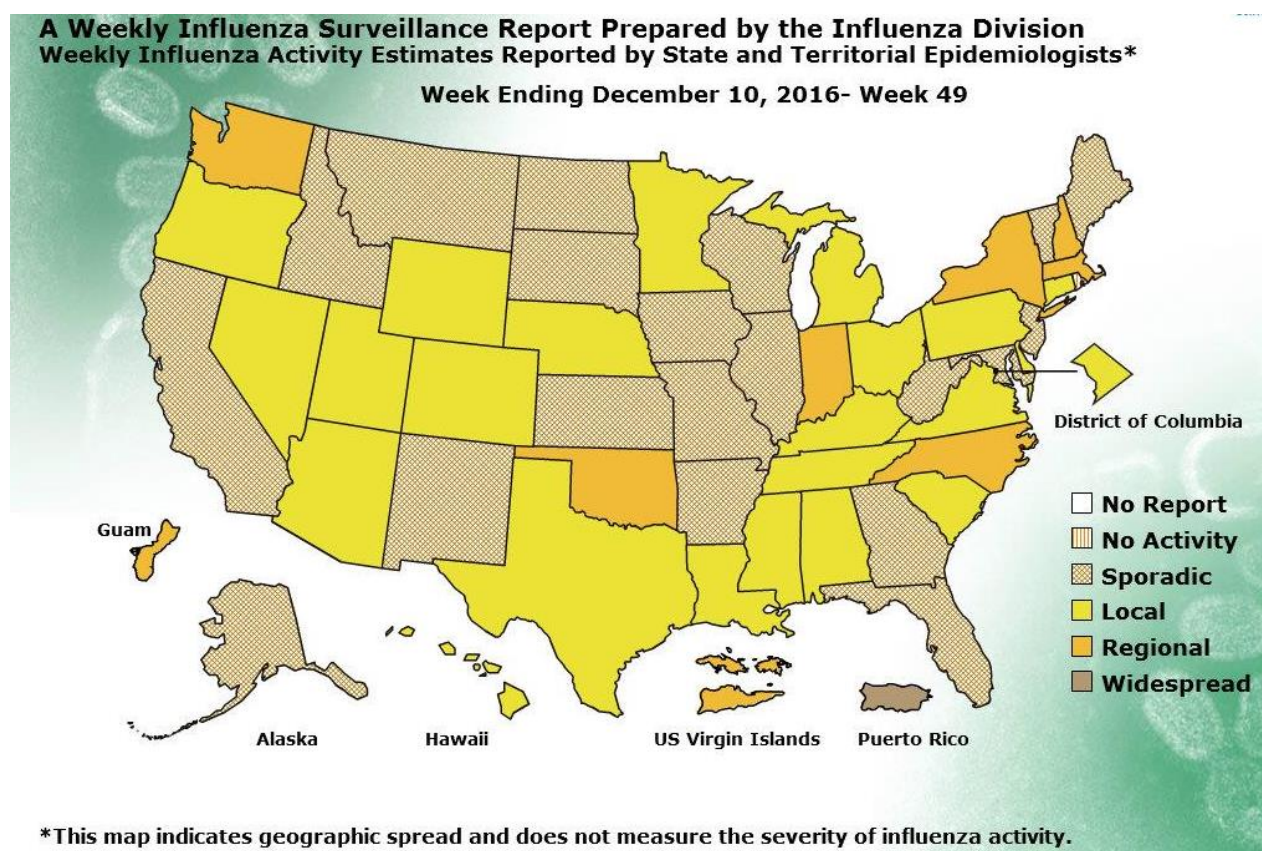
Number of specimens positive for influenza by subtype



USA

In tutti gli Stati Uniti si registra un ulteriore aumento della circolazione di virus influenzali.

Nell'ambito dei virus influenzali identificati, i ceppi di tipo A appartenenti al sottotipo H3N2 continuano ad essere prevalenti.



In particolare, nella 49^a settimana di sorveglianza, sono stati testati **928** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e **206** sono risultati positivi al virus influenzale, prevalentemente di tipo A (96,1%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato dominante (79,8%) rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (3,0%).

	Week 49	Data Cumulative since October 2, 2016 (Week 40)
No. of specimens tested	928	10.585
No. of positive specimens	206	1.533
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	198 (96,1%)	1.396 (91,1%)
H1N1pdm09	6 (3,0%)	85 (6,1%)
H3	158 (79,8%)	1.201 (86,0%)
Subtyping not performed	34 (17,2%)	110 (7,9%)
Influenza B	8 (3,9%)	137 (8,9%)
Yamagata lineage	2 (25,0%)	29 (21,2%)
Victoria lineage	3 (37,5%)	47 (34,3%)
Lineage not performed	3 (37,5%)	61 (44,5%)

Il CDC riporta che, nell'ambito dei 181 ceppi finora caratterizzati geneticamente:

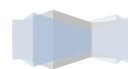
- 22/22 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenenti al sottogruppo genetico 6B.1;
- 121/130 (93%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (3C.2a); 9/130 (7%) sono risultati correlati al sottogruppo 3C.3a;
- 29 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 15 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3, lineaggio B/Yamagata), mentre 14 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008-like (*clade* 1A, lineaggio B/Victoria).



A partire dal 1° ottobre 2016, sono state finora effettuate 64 caratterizzazioni antigeniche:

- 24/24 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 26/26 (100%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati, con saggi HI o di neutralizzazione, sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (ceppo vaccinale per la stagione 2016/2017 nell'emisfero Nord);
- 14 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 8 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata), mentre 5 su 6 (83%) del lineage B/Victoria sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008-like.

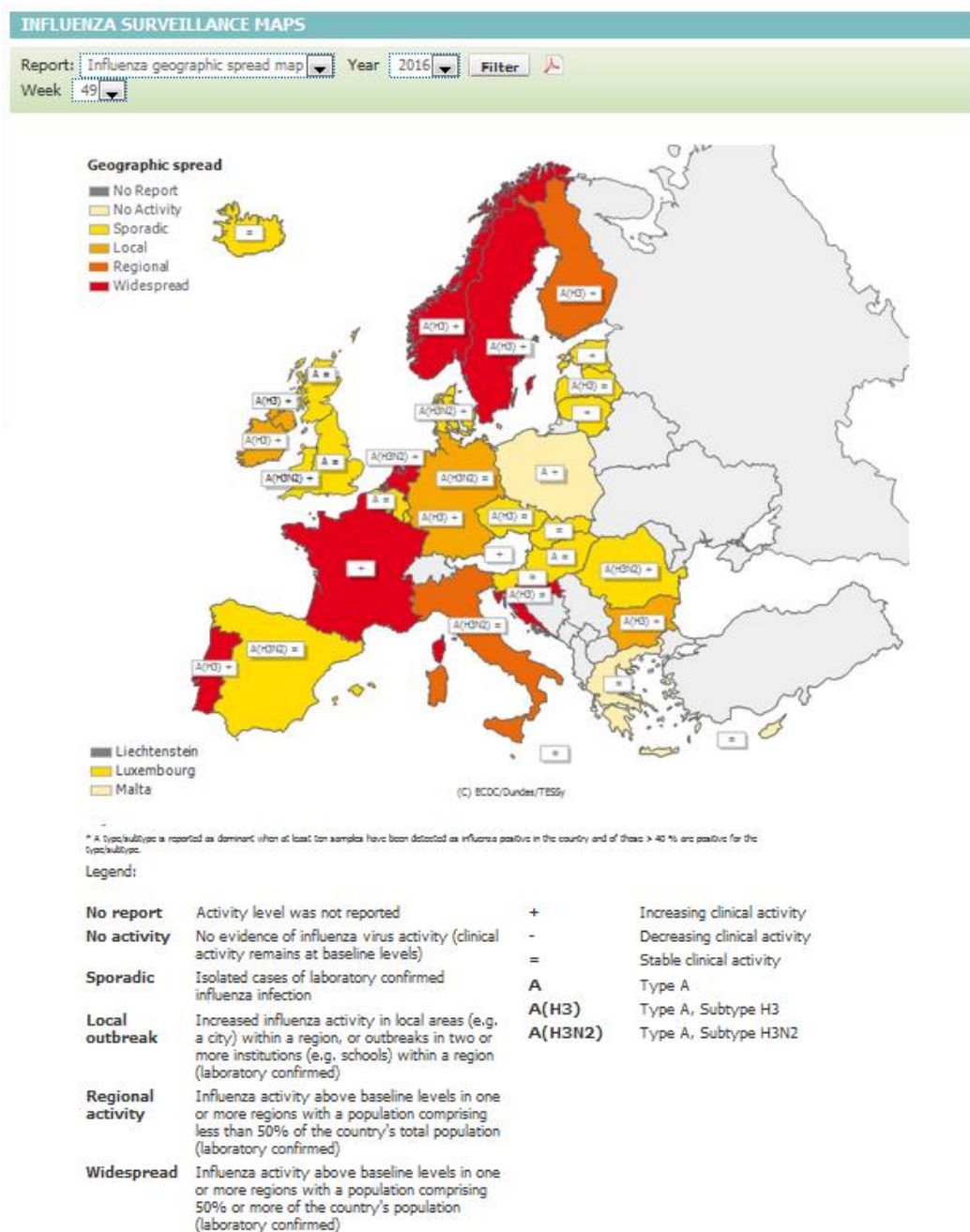
Per ulteriori informazioni relativo al quadro complessivo statunitense, si rimanda al report settimanale del [CDC](#).



EUROPA

L'ECDC (TESSy) riporta ancora una circolazione limitata di virus influenzali, sebbene risulti nel complesso in leggero aumento. Nell'ambito della sorveglianza sentinella, la proporzione di campioni risultati positivi all'influenza è ulteriormente aumentata (28%), rispetto alla scorsa settimana.

I virus influenzali A(H3N2) continuano ad essere dominanti.



Nella 50^a settimana, vengono riportati finora i dati relativi a 3.755 identificazioni virali. In particolare:

- 3.668 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi, 8 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 1.608 come H3N2. Ulteriori 2.052 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 87 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 2 sono stati caratterizzati come appartenenti al lineaggio B/Yamagata e 17 al lineaggio B/Victoria. I rimanenti 68 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 50, 2016

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	477	3191	1776	9588
A(H1)pdm09	1	7	16	63
A (subtyping not performed)	60	1992	160	6116
A (H3)	416	1192	1600	3409
Influenza B	21	66	145	383
B(Vic) lineage	17	0	54	17
B(Yam) lineage	0	2	29	27
Unknown lineage	4	64	62	339
Total	498	3257	1921	9971

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2016-12-21. Page: 1 of 1.
The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2016-12-21 at 16:01

Sui campioni raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati geneticamente 154 ceppi virali:

- 3 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), recentemente raccomandato nella composizione vaccinale per l'emisfero Sud (stagione 2017);
- 62/145 (42,7%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 82/145 (56,6%) al nuovo sottogruppo 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016) ed 1/145 (0,7%) al sottogruppo 3C.3a (A/Perth/16/2009grA/Switzerland/9715293/2013);
- 6 virus di tipo **B** sono stati analizzati; di questi, 2 appartenenti al lineaggio Yamagata sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), mentre 4 appartenenti al lineaggio Victoria, sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* 1A).

Per ulteriori informazioni relative al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali dell'[ECDC](#).

L'elaborazione dei dati e la realizzazione del rapporto sono a cura della dott.ssa Annapina Palmieri (MIPI-ISS)

