



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - D.M.I.

DMI 12/04/2017-0000416



Documento Interno_D121D

Rapporto N. 21 del 12 aprile 2017

Settimana 14/2017

CENTRO NAZIONALE INFLUENZA/NIC-DMI

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 14



In evidenza:

In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) di un selezionato numero di virus influenzali B, circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2016/2017 (Figura 3).

ITALIA

Durante la settimana 14/2017 sono stati raccolti **184** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e di questi, **4 (2%)** sono risultati positivi al virus influenzale. In particolare, 1 di tipo A sottotipo H3N2 e 3 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. 46/2016-14/2017).

Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 14^a settimana del 2017

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	AO Ospedali Riuniti	P. Bagnarelli
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
GENOVA	UNIVERSITA'	F. Ansaldi
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	R. Smeraglia
PADOVA	UNIVERSITA'	G. Palù
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Vitale
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



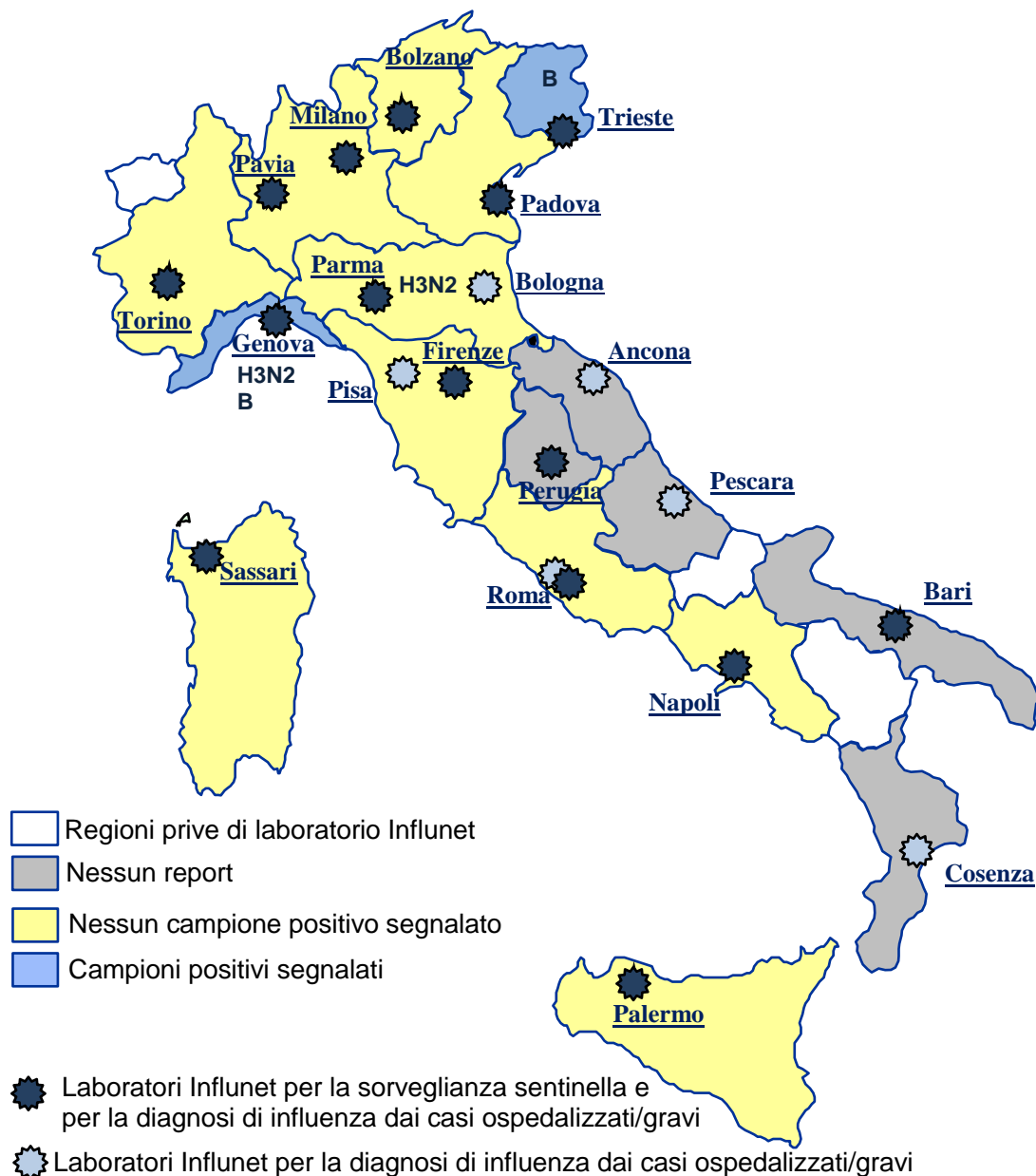


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2016).

	46	47	48	49	50	51	52	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	TOT
FLU A	12	22	50	82	156	273	361	407	443	437	382	332	175	97	51	18	15	7	4	1	1	3.326
A				1	6	18	21	17	27	25	27	32	6	1	2	4	3					190
A(H3N2)	12	21	50	78	150	247	336	387	411	405	354	299	167	92	49	13	11	7	4	1	1	3.095
A(H1N1)pdm09		1		3		8	4	3	5	7	1	1	2	4		1	1					41
FLU B	0	2	0	0	1	0	0	3	10	3	10	14	14	27	20	23	18	12	3	3	3	166
TOT POSITIVI	12	24	50	82	157	273	361	410	453	440	392	346	189	124	71	41	33	19	7	4	4	3.492*

*Su un totale di 11.603 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

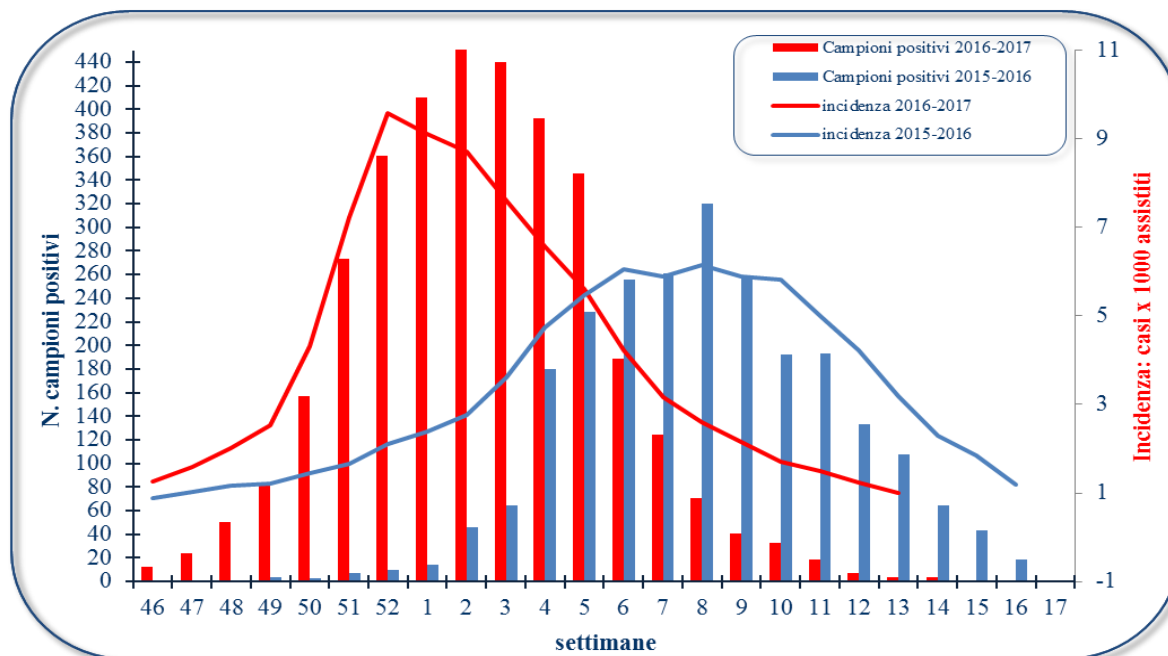
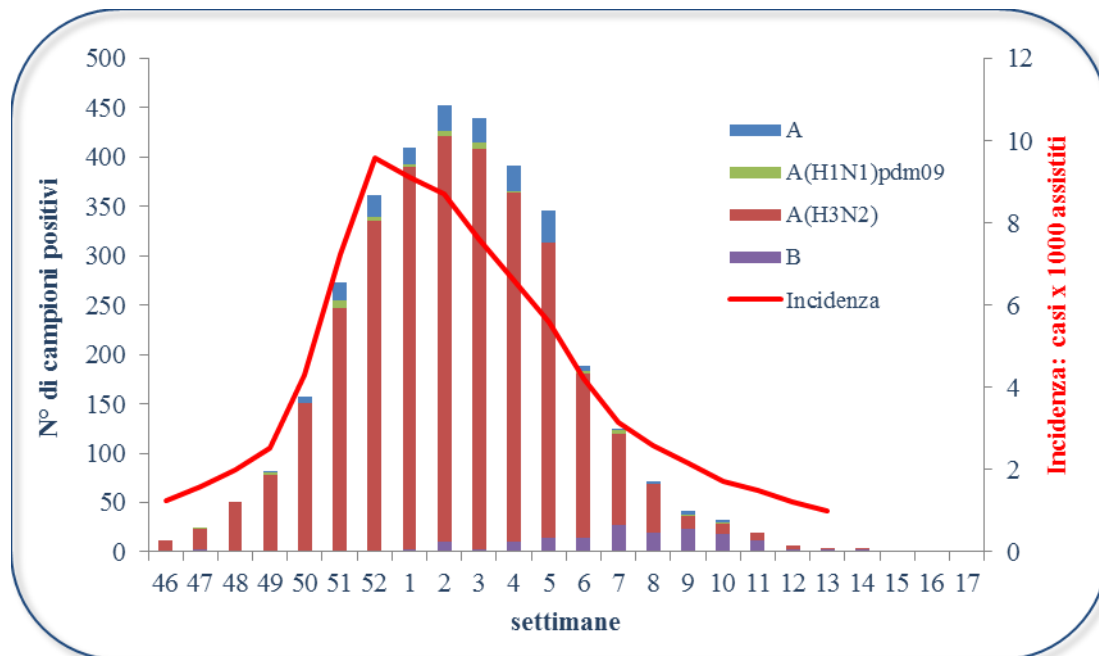


Figura 2 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2016/2017)



Virus influenzali B – Circolazione, caratteristiche ed analisi filogenetica

Sebbene si sia registrato, in queste ultime settimane della stagione, un leggero aumento nella proporzione dei ceppi influenzali di tipo B rispetto agli A, la circolazione di questi virus si è mantenuta sempre a bassi livelli. Nel complesso, dall'inizio della stagione ad oggi, i virus B rappresentano il 4,7% dei campioni risultati positivi all'influenza.

Tra i ceppi B finora caratterizzati in Italia, il 96% è risultato appartenere al lineaggio Yamagata e solo il 4% al lineaggio Victoria. Va sottolineato, tuttavia, che questa percentuale risulta più elevata rispetto a quanto registrato finora in Europa, dove la proporzione dei virus appartenenti al lineaggio Yamagata è del 68%; il restante 32%, appartenente al lineaggio Victoria, afferisce al *clade* 1A, il cui virus di riferimento è il B/Brisbane/60/2008, ceppo incluso nella composizione vaccinale per la presente stagione 2016/2017.

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di una selezione di virus influenzali B, isolati in Italia, ne evidenzia l'appartenenza al lineaggio B/Yamagata ed, in particolare, al gruppo genetico (*clade*) 3, rappresentato dal ceppo di riferimento B/Phuket/3073/2013 (Figura 3). Gli isolati italiani finora analizzati afferiscono ad un sottogruppo caratterizzato dalle due sostituzioni L172Q e M251V in HA1, in confronto al ceppo B/Phuket/3073/2013, così come la maggior parte dei ceppi B/Yamagata recentemente isolati in Europa.

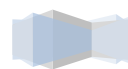


Figura 3. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus umani di tipo B in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.

Ceppo vaccinale (stag. 2016/2017)

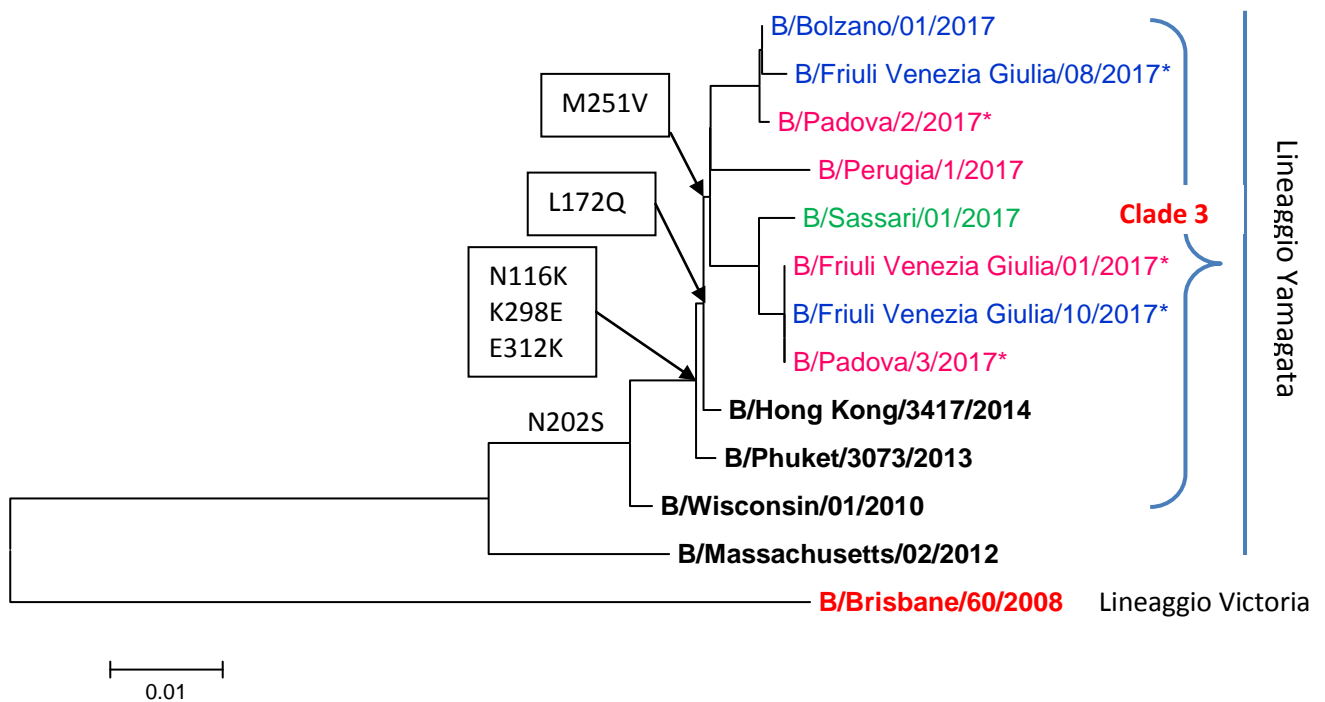
Ceppi di riferimento

Data prelievo:

Gennaio 2017

Febbraio 2017

Marzo 2017



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

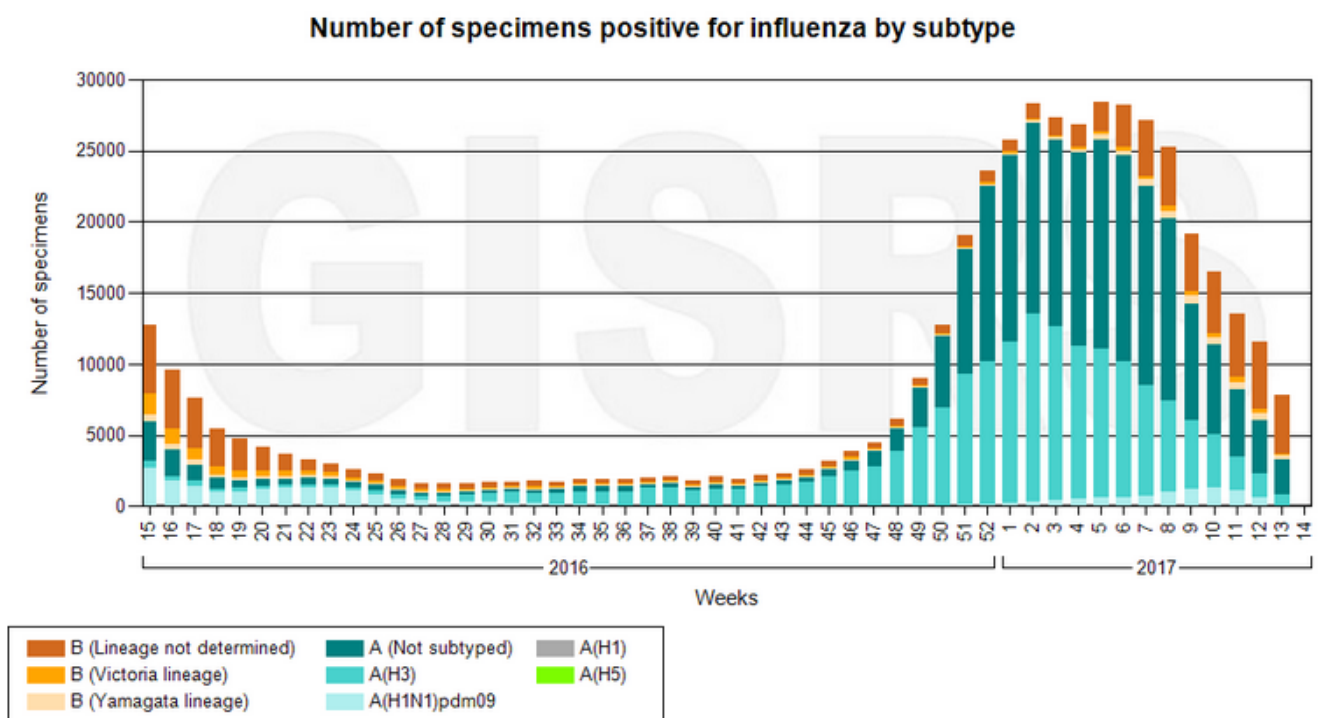


SITUAZIONE INTERNAZIONALE

La circolazione dei virus influenzali nell'emisfero Nord continua a diminuire. I virus di tipo B sono attualmente prevalenti rispetto ai virus A.

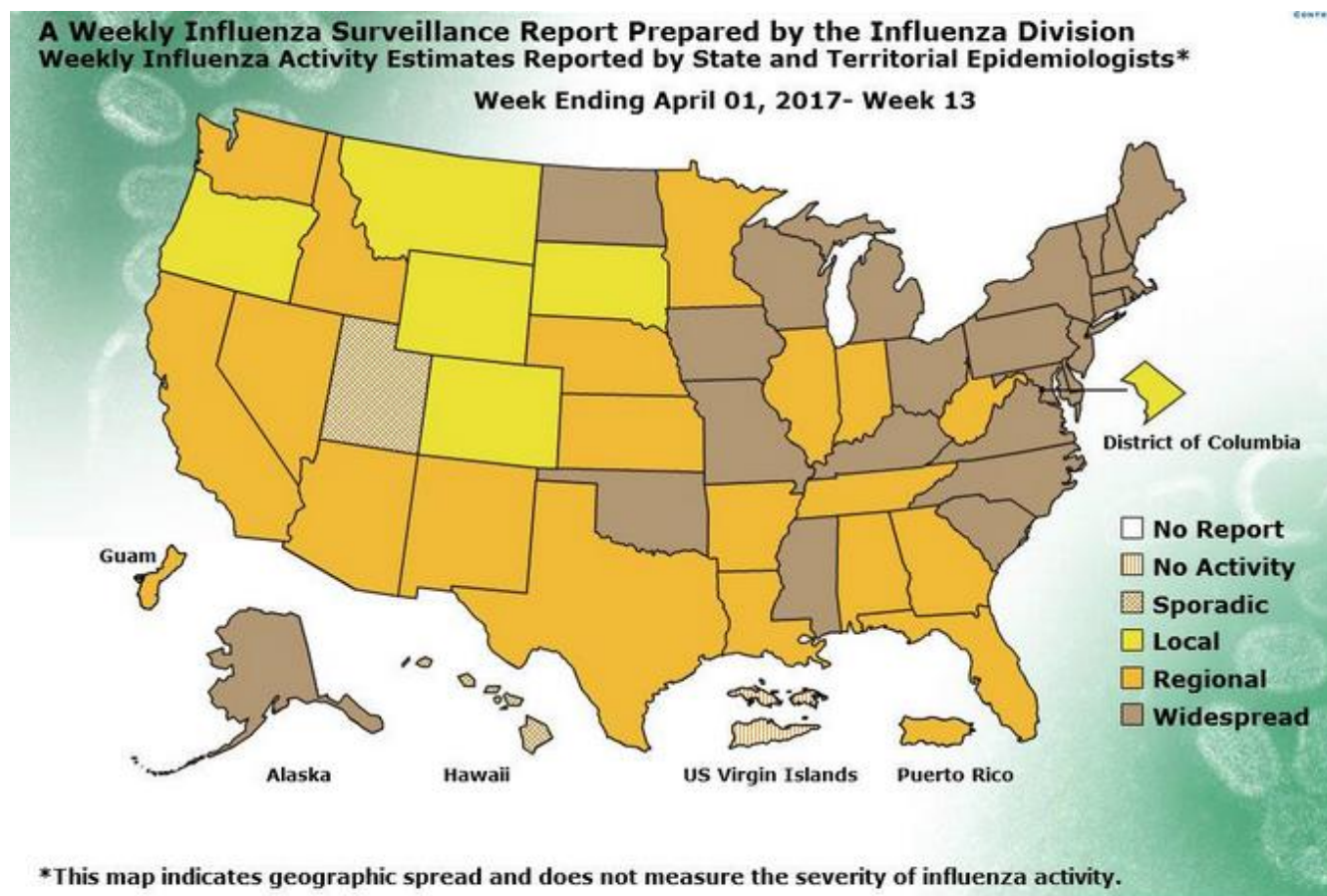
Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla settimana di sorveglianza 13/2017.

Global circulation of influenza viruses



USA

La circolazione dei virus influenzali durante la settimana 13/2017 registra una diminuzione, sebbene si mantenga ancora elevata, con prevalenza di virus di tipo B.



In particolare, nella settimana di sorveglianza 13/2017, sono stati testati **1.375** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e 730 (53%) sono risultati positivi al virus influenzale, prevalentemente di tipo B (55,9%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato dominante (95,3%) rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (2,8%).

	Week 13	Data Cumulative since October 2, 2016 (Week 40)
No. of specimens tested	1.375	71.921
No. of positive specimens	730	35.368
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	322 (44,1%)	29.581 (83,6%)
H1N1pdm09	9 (2,8%)	797 (2,7%)
H3	307 (95,3%)	28.447 (96,2%)
Subtyping not performed	6 (1,9%)	337 (1,1%)
Influenza B	408 (55,9%)	5.787 (16,4%)
Yamagata lineage	245 (60,0%)	2.891 (50,0%)
Victoria lineage	45 (11,0%)	1.456 (25,2%)
Lineage not performed	118 (28,9%)	1.440 (24,9%)

Il CDC riporta che, nell'ambito dei 1.696 ceppi finora caratterizzati **geneticamente**:

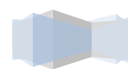
- 242/242 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenenti al sottogruppo genetico 6B.1;
- 916/959 (96%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (3C.2a); 43/959 (4%) sono risultati correlati al sottogruppo 3C.3a;
- 495 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 273 sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3, lineaggio B/Yamagata), mentre 222 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 1.249 caratterizzazioni antigeniche:

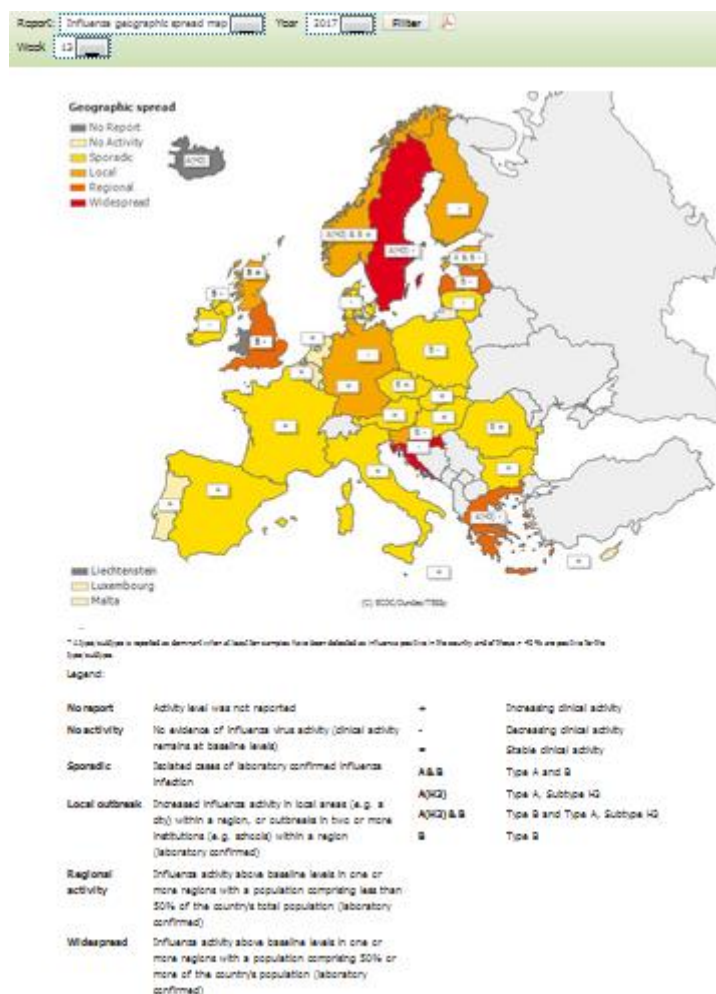
- 216/217 (99,5%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 575/589 (97,6%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati, con saggi HI o di neutralizzazione, sono risultati simili al ceppo A/Hong Kong/4801/2014 (ceppo vaccinale per la stagione 2016/2017 nell'emisfero Nord); 11 dei restanti 14 ceppi sono risultati maggiormente correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013 (sottogruppo 3C.3a);
- 443 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 242 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata), mentre 185 su 201 ceppi (92%) 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](http://www.cdc.gov).



EUROPA

L'ECDC (TESSy) continua a riportare una circolazione di virus influenzali in diminuzione. La percentuale dei campioni risultati positivi all'influenza nell'ambito della sorveglianza sentinella (16%) è in ulteriore diminuzione. Nell'ambito delle identificazioni virali la percentuale dei ceppi B risulta maggiore rispetto a quella dei ceppi A.



Nella 14^a settimana, vengono riportati finora i dati relativi a 949 identificazioni virali.
In particolare:

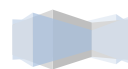
- 208 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi, 119 sono stati sottotipizzati come H3N2. Ulteriori 89 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 741 virus sono risultati appartenenti al tipo B. Di questi, 24 sono stati caratterizzati come appartenente al lineaggio B/Yamagata e 14 al lineaggio B/Victoria. I rimanenti 703 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	3	205	16212	108622
A(H1)pdm09	0	0	184	345
A (subtyping not performed)	0	89	2492	69393
A (H3)	3	116	13533	38882
Influenza B	84	657	1650	12137
B(Vic) lineage	11	3	306	293
B(Yam) lineage	16	8	408	870
Unknown lineage	57	646	936	10974
Total	87	862	17862	120759

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2017-04-12. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2017-04-12 at 15:30

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 2.981 ceppi virali:

- 33 ceppi **H1N1pdm09** sono stati analizzati. Di questi, 28 sono risultati correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015 (sottogruppo 6B.1), raccomandato nella composizione vaccinale per l'emisfero Nord (stagione 2017/2018), mentre 5 sono risultati correlati al ceppo A/South Africa/3626/2013 (sottogruppo 6B);
- 810/2.725 (29,72%) ceppi **H3N2** caratterizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 1.883/2.725 (69,1%) al nuovo sottogruppo 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016) e 25/2.725 (0,91%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013); 1/2.725 (0,01%) al sottogruppo 3C.3b



(A/Stockholm/28/2014); 6/2.725 (0,22%) ceppi sono risultati appartenere ad altre categorie;

- 223 virus di tipo **B** sono stati analizzati; tra questi, 167 (75%) ceppi appartenenti al lineaggio Yamagata sono risultati correlati al ceppo B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), mentre 56 (25%) ceppi appartenenti al lineaggio Victoria sono risultati correlati al ceppo B/Brisbane/60/2008 (*clade* 1A).

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2016, sono stati finora caratterizzati **antigenicamente** 1.030 ceppi virali:

- 12/23 ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al nuovo ceppo A/Michigan/45/2015, e 10 al ceppo vaccinale A/California/7/2009; per 1 ceppo non è stato possibile attribuire alcuna categoria antigenica;
- 414/684 (60,5%) ceppi **H3N2** antigenicamente caratterizzati sono risultati correlati all'attuale ceppo vaccinale dell'emisfero Nord, A/Hong Kong/4801/2014; 10/684 (1,4%) sono risultati correlati al ceppo A/Switzerland/9715293/2013; per 260 ceppi non è stato possibile attribuire alcuna categoria antigenica;
- 323 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 146 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 e 12 al ceppo B/Massachusetts/02/2012 (lineaggio B/Yamagata). Nell'ambito del lineaggio B/Victoria, 164 ceppi sono risultati correlati al ceppo vaccinale B/Brisbane/60/2008.

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

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

