

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA





# Rapporto N. 15 del 24 febbraio 2016

Settimana 7/2016

## 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 11







#### In evidenza:

- Come precedentemente riportato, anche in questa settimana viene segnalato un maggior numero di identificazioni relative ai virus influenzali A(H3N2) ed ai virus di tipo B.
- Nel presente report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) dei virus influenzali A(H3N2) attualmente circolanti in Italia (Figura 2).

#### **ITALIA**

Durante la settimana 7/2016 sono stati raccolti **577** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet, di cui **202** (**35%**) sono risultati positivi al virus influenzale (89 di tipo **A** e 113 di tipo **B**). Nell'ambito del tipo A, 63 virus sono risultati di sottotipo **H3N2**, e 16 di sottotipo **H1N1pdm09**; i restanti 10 virus A segnalati non sono stati ancora sottotipizzati.

Tra i ceppi B, 51 sono stati caratterizzati e, tra questi, 50 (98%) sono risultati appartenenti al lineaggio B/Victoria e 1 al lineaggio B/Yamagata.

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

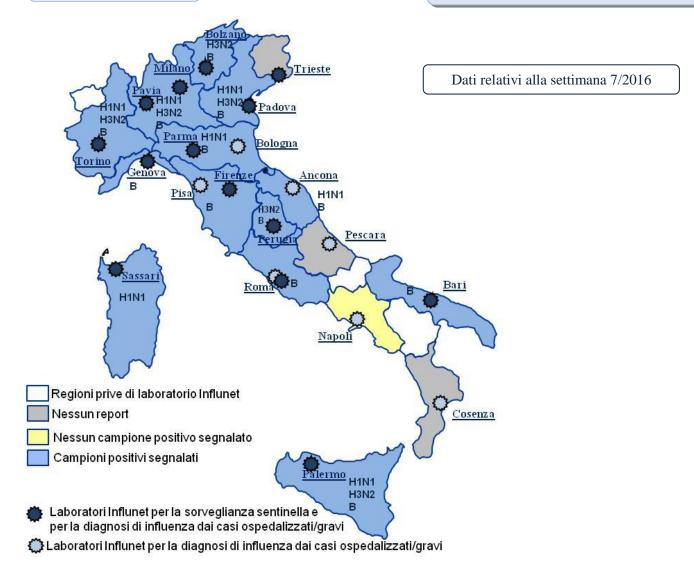
In tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 41/2015-7/2016).



Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 7<sup>a</sup> 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'	A. Azzi					
GENOVA	UNIVERSITA'	F. Ansaldi					
MILANO	UNIVERSITA'	A. Zanetti					
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	R. Smeraglia					
PADOVA	UNIVERSITA'	G. Palù					
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Vitale					
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni					
PAVIA	IRCCS San Matteo	F. Baldanti					
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni					
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti					
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra					
TORINO	AO Amedeo di Savoia	V. Ghisetti					





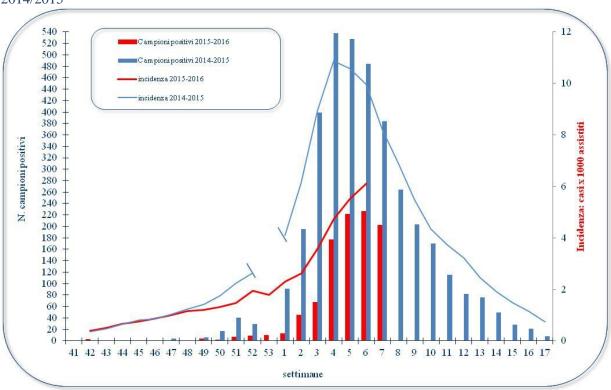


**Tabella 2** Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 41/2015).

	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	1	2	3	4	5	6	7	TOT
FLU A	1	2	0	0	0	0	0	1	2	2	6	9	10	10	26	34	76	95	112	89	475
A									1				1	3	5	1	9	7	11	10	48
A(H3N2)	1	1						1	1	1	2	3	5	5	7	17	40	49	67	63	263
A(H1N1)pdm2009		1								1	4	6	4	2	14	16	27	39	34	16	164
FLU B	0	1	0	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	3	19	34	101	127	115	113	517
TOT POSITIVI	1	3	0	0	1	0	0	1	4	2	7	9	10	13	45	68	177	222	227	202	992*

<sup>\*</sup>Su un totale di 4.714 campioni clinici raccolti

*Figura 1* 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.



5



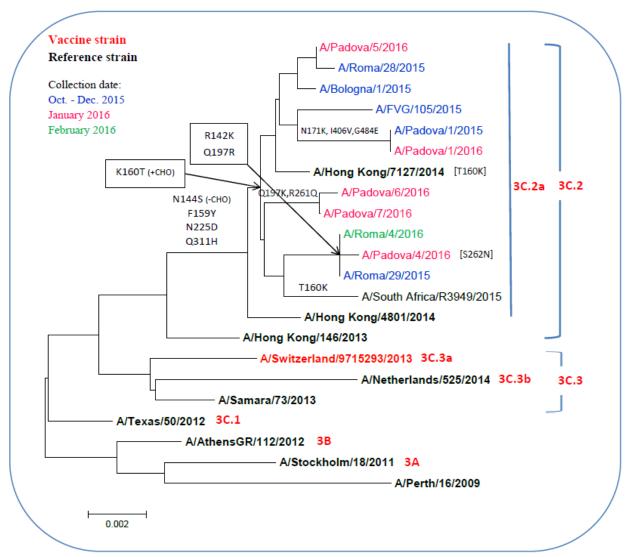
N.B. Le apparenti discrepanze rispetto alla tabella della settimana scorsa sono dovute agli aggiornamenti conseguenti ad approfondimenti nelle analisi diagnostiche (tipo/sottotipo).



## Caratterizzazione molecolare ed analisi filogenetica - Virus A(H3N2)

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di ceppi A(H3N2) isolati in Italia, in questa prima fase della stagione in corso (da ottobre 2015 ad inizio febbraio 2016), confermano l'appartenenza di tali virus al sottogruppo genetico **3C.2a**, caratterizzato dalle sostituzioni amino acidiche N144S, F159Y, K160T, N225D e Q311H, già comparso nella precedente stagione influenzale.

Nell'ambito del raggruppamento 3C.2a, sono stati identificati ulteriori sottogruppi. Uno di questi è caratterizzato dalle sostituzioni amino acidiche R142K e Q197R, mentre l'altro presenta le sostituzioni N171K, I406V e G484E (Figura 2).



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



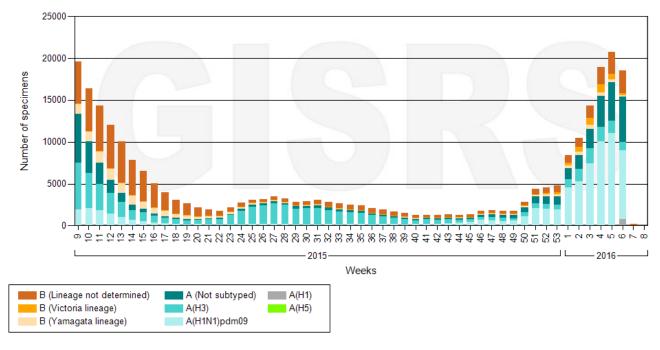


## SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali continua ad aumentare nelle zone temperate dell'emisfero Nord e la maggior parte delle identificazioni virali sono riconducibili ai ceppi A(H1N1)pdm09, che rimangono predominanti nella stagione in corso.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 6<sup>a</sup> settimana di sorveglianza.

## Number of specimens positive for influenza by subtype



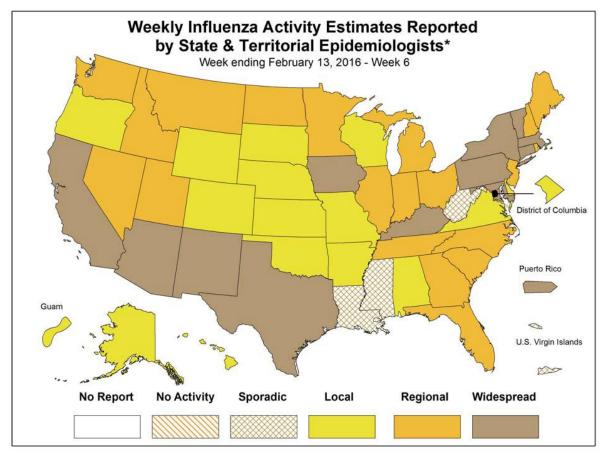




#### **USA**

La figura sottostante si riferisce alla 6<sup>a</sup> settimana di sorveglianza (ultimo aggiornamento: 13 febbraio 2016).

Viene segnalata ancora una circolazione di virus influenzali in aumento, con i ceppi influenzali di tipo A sottotipo H1N1pdm09 sempre dominanti.



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

NIC- Reparto Malattie virali e vaccini inattivati, MIPI - Istituto Superiore di Sanità



In particolare, nella 6<sup>a</sup> settimana di sorveglianza, sono stati testati **1.531** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e **580** sono risultati positivi al virus influenzale. I 412 ceppi di tipo A (72,9%) sono sempre prevalenti rispetto ai virus tipo B (27,1%). Tra i virus di tipo A sottotipizzati, 51 sono risultati H3N2 (12,1%) e 361 H1N1pdm09 (85,3%). Nell'ambito dei ceppi B caratterizzati, 63 sono risultati appartenenti al lineaggio Yamagata (40,1%) e 27 al lineaggio Victoria (17,2%).

	Wee	ek 6	Data Cumulative since October 4, 2015 (Week 40)			
No. of specimens tested	1.531		29.151			
No. of positive specimens	580		4.750			
Positive specimens by type/subtype						
Influenza A	423	(72,9%)	3.559	(74,9%)		
H1N1pdm09	361	(85,3%)	2.459	(69,1%)		
Н3	51	(12,1%)	980	(27,5%)		
Subtyping not performed	11	(2,6%)	120	(3,4%)		
Influenza B	157	(27,1%)	1.191	(25,1%)		
Yamagata lineage	63	(40,1%)	531	(44,6%)		
Victoria lineage	27	(17,2%)	178	(14,9%)		
Lineage not performed	67	(42,7%)	482	(40,5%)		

Il CDC riporta che, nell'ambito delle 532 caratterizzazioni finora effettuate a partire dal 1° ottobre 2015:

- 181/181 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 228/228 (100%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati simili al ceppo A/Switzerland/9715293/2013 (ceppo vaccinale per la stagione 2015/2016 nell'emisfero Nord): questi. 107 ceppi sono stati tra antigenicamente caratterizzati e 100/107 (93.5%)risultati A/Switzerland/9715293/2013-like in saggi HI o di neutralizzazione;
- 123 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 88 sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata) ed i restanti 35 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 <u>CDC</u>.



9



#### **EUROPA**

L'ECDC (TESSy) riporta una circolazione ancora in aumento in almeno 21 dei 46 Paesi membri. I virus A(H1N1)pdm09 rimangono predominanti. Il 90% dei ceppi influenzali A sottotipizzati nell'ambito della sorveglianza sentinella è risultato appartenere a questo sottotipo. Anche in quest'ultima settimana è stato registrato, prevalentemente nei soggetti di età compresa tra 15-64 anni, un ulteriore aumento di casi severi, la maggior parte dei quali riconducibile a virus A(H1N1)pdm09.

Nella 7<sup>a</sup> settimana, vengono riportati ad oggi i dati relativi a 3.697 identificazioni virali. In particolare:

- 2.233 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 1.084 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 174 come H3N2. Ulteriori 975 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 1.464 virus sono risultati appartenenti al tipo B; tra questi, 244 sono risultati appartenere al lineaggio B-Victoria e soltanto 7 sono risultati appartenere al lineaggio B-Yamagata. I 1.213 rimanenti ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

## Total of Viral Detections in the Season up till Week 7, 2016

		Current week		Season				
Virus type/subtype		Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel			
Influenza A		426	1808	6121	48101			
	A(H1)pdm09	281	803	4995	29896			
	A (subtyping not performed)	70	905	284	15348			
	A (H3)	75	99	836	2810			
Influenza B		405	1059	2570	6854			
	B(Vic) lineage	192	52	854	438			
	B(Yam) lineage	3	4	33	75			
	Unknown lineage	210	1003	1683	6341			
Total		831	2867	8691	54955			

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2016-02-24. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2016-02-24 at 15:00





La caratterizzazione molecolare condotta su 1.766 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 285 virus H3N2 isolati mostrano che 192 ceppi (67%) risultano appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 87 (31%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013) ed i restanti 6 (2%) al sottogruppo 3C.3 (A/Samara/73/2013).

Nell'ambito dei 246 virus di tipo B finora analizzati, 198 (80%) sono risultati appartenere al lineaggio B/Victoria e 48 (20%) al lineaggio B/Yamagata.

Per ulteriori informazioni relativi al quadro complessivo europeo, si rimanda ai report settimanali di ECDC.

11

