




NIC - MIPI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



I.S.S. - M.I.P.I.
MIPI 10/02/2016-0000151

Documento Interno SGP¹

Rapporto N. 13 del 10 febbraio 2016

Settimana 5/2016

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:

In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati dell'analisi filogenetica condotta sulle emagglutinine di alcuni virus influenzali A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia, rappresentativi della stagione in corso (Figura 2), per i quali si osserva un certo grado di evoluzione genetica.

ITALIA

Durante la settimana 5/2016 sono stati raccolti **530** campioni clinici dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet, di cui **176 (33%)** sono risultati positivi al virus influenzale (81 di tipo **A** e 95 di tipo **B**). Anche in questa settimana si registra, pertanto, una maggior proporzione di virus influenzali di tipo B (54%) rispetto ai ceppi di tipo A (46%), nell'ambito delle identificazioni virali.

Per quanto riguarda i ceppi di tipo A, 43 virus sono risultati di sottotipo **H3N2** e 28 di sottotipo **H1N1pdm09**; i restanti 10 virus A segnalati non sono stati ancora sottotipizzati.

Tra i ceppi B, 16 sono stati caratterizzati e sono risultati appartenenti al lineaggio B/Victoria.

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. 41/2015-5/2016).



Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 5^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'	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
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
PISA	UNIVERSITA'	M. L. Vatteroni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO Amedeo di Savoia	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro



Dati relativi alla settimana 5/2016

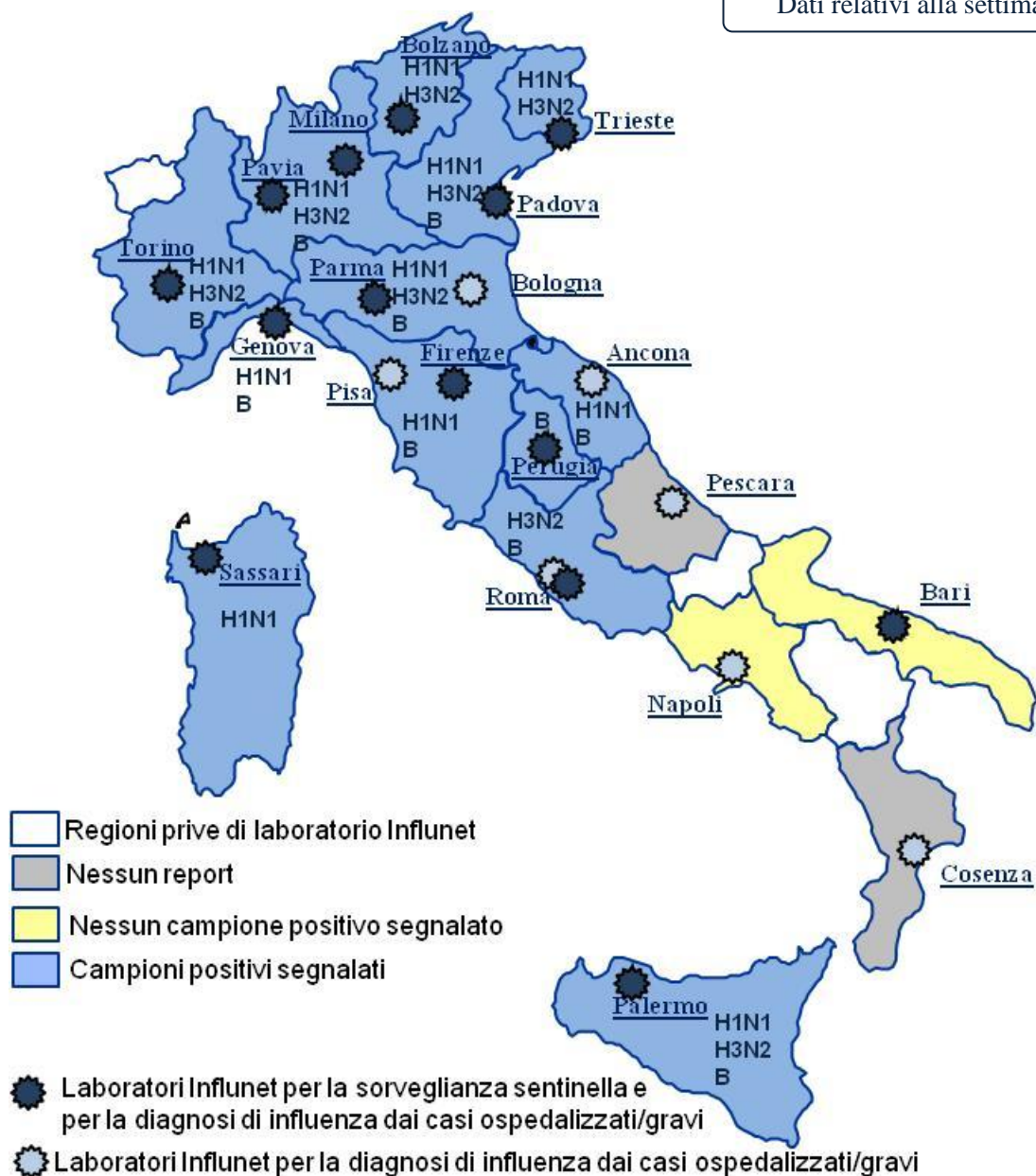


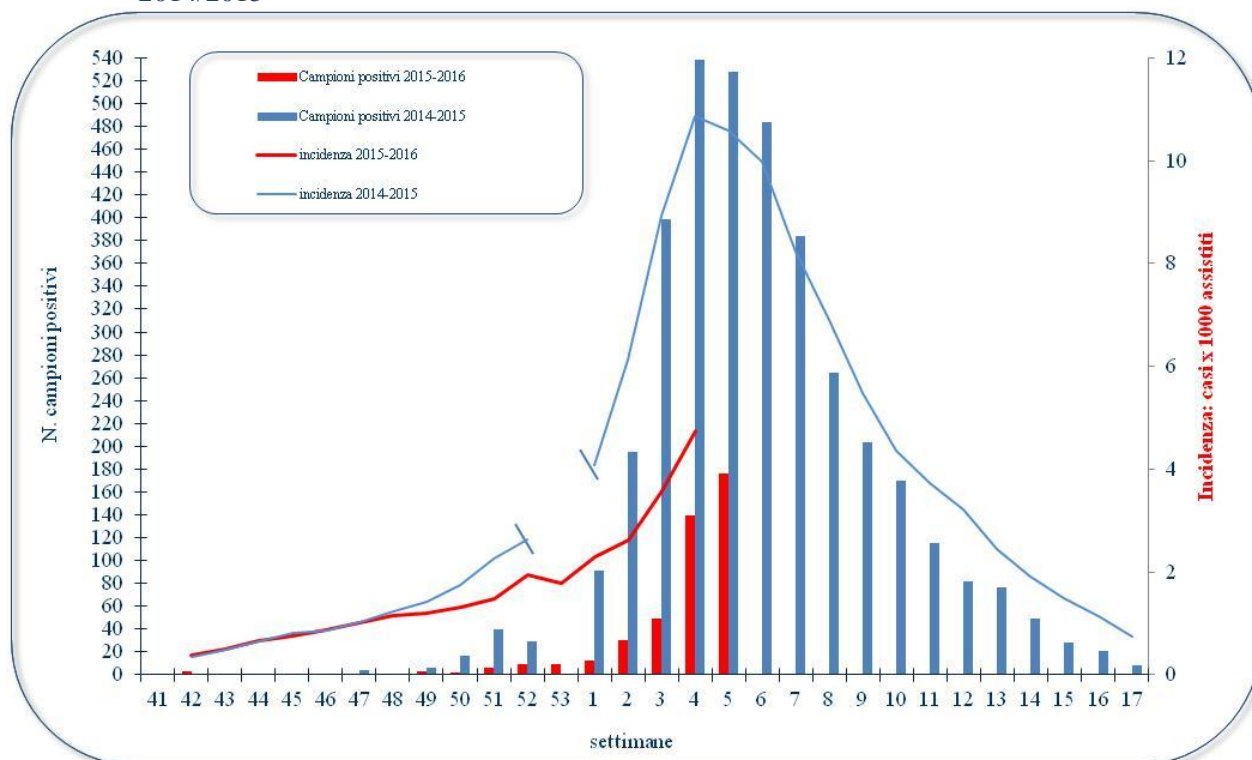
Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 41/2015).

	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	1	2	3	4	5	TOT
FLU A	1	2	0	0	0	0	0	1	2	2	7	9	9	9	25	34	61	81	243
A									1		1		1	3	5	1	14	10	36
A(H3N2)	1	1						1	1	1	2	3	4	5	7	17	28	43	114
A(H1N1)pdm2009		1								1	4	6	4	1	13	16	19	28	93
FLU B	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	3	17	34	78	95	231
TOT POSITIVI	1	3	0	0	1	0	0	1	3	2	8	9	9	12	42	68	139	176	474*

*Su un totale di 3.322 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 2014/2015



N.B. L'interruzione della linea dell'incidenza è dovuta alla differenza nel numero delle settimane tra il 2014 e il 2015.



Caratterizzazione molecolare ed analisi filogenetica - Virus A(H1N1)pdm09

L'analisi filogenetica relativa al gene HA di ceppi A(H1N1)pdm09 isolati in Italia nei primi mesi della stagione in corso confermano l'appartenenza di tali virus al sottogruppo genetico **6B** (Figura 2), a cui afferisce la maggior parte dei ceppi recentemente circolanti nel mondo. Nell'ambito di tale sottogruppo, è stato recentemente identificato un nuovo *sub-cluster* (evidenziato da un riquadro rosso in figura), caratterizzato dalle sostituzioni aminoacidiche S84N, S162N (che introduce un potenziale sito di glicosilazione) e I216T in HA1, in cui confluiscono anche alcuni ceppi isolati in Italia ed, in particolare, A/FVG/104/2015, A/Parma/294/2015 e A/Parma/295/2015.

Altri ceppi isolati a Parma sempre nello stesso periodo sono, invece, caratterizzati dalle seguenti mutazioni in HA1: A48P, S69P.

Nonostante l'evoluzione genetica mostrata dai recenti ceppi A(H1N1)pdm09 isolati nel mondo, analisi antigeniche eseguite presso i Centri di riferimento OMS dimostrano che la maggior parte dei virus inclusi nel suddetto nuovo *sub-cluster*, rimane correlata al ceppo vaccinale A/California/7/2009 (http://www.who.int/influenza/publications/riskassessment_AH1N1pdm09_201602/en/).



Ceppo vaccinale

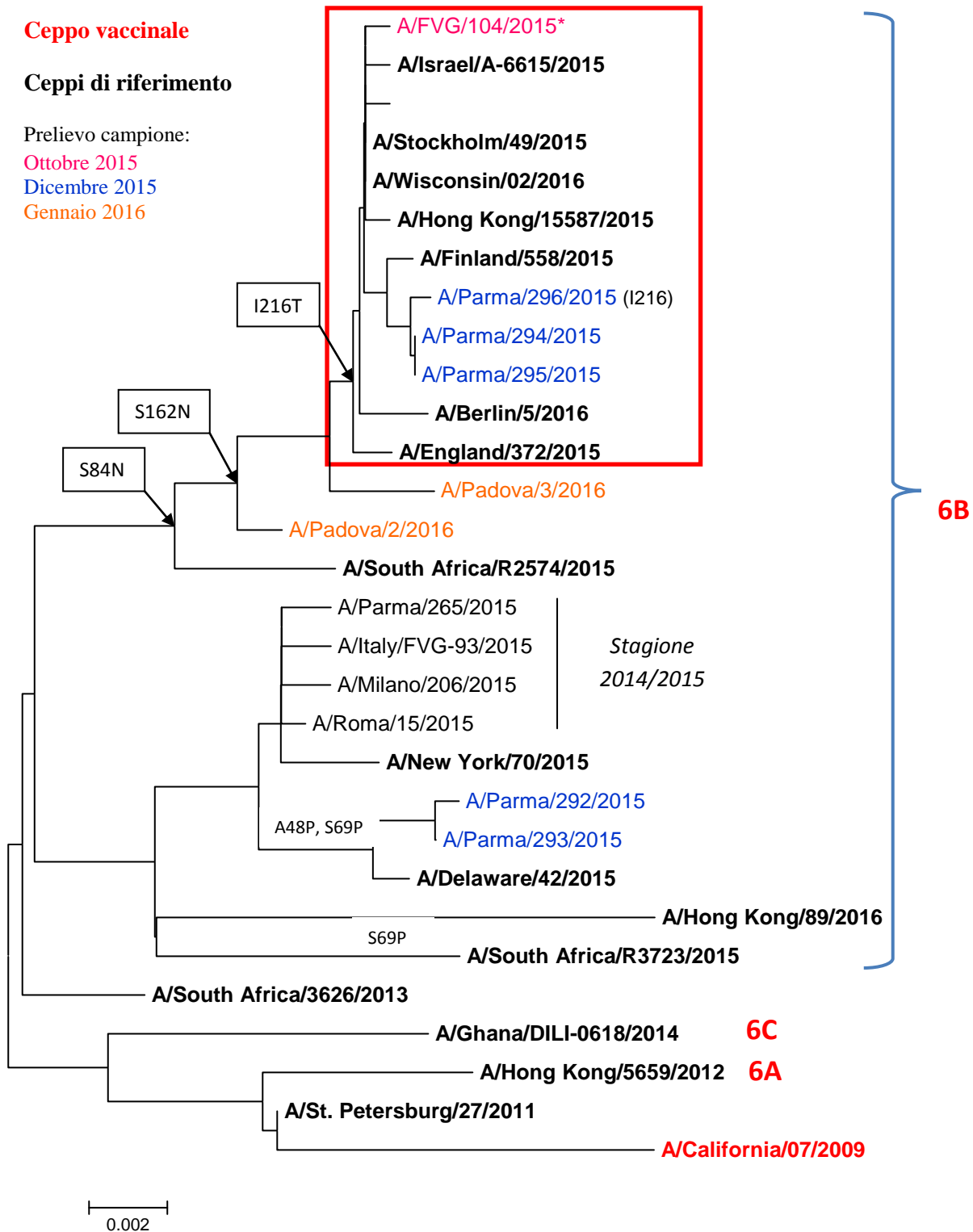
Ceppi di riferimento

Prelievo campione:

Ottobre 2015

Dicembre 2015

Gennaio 2016



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

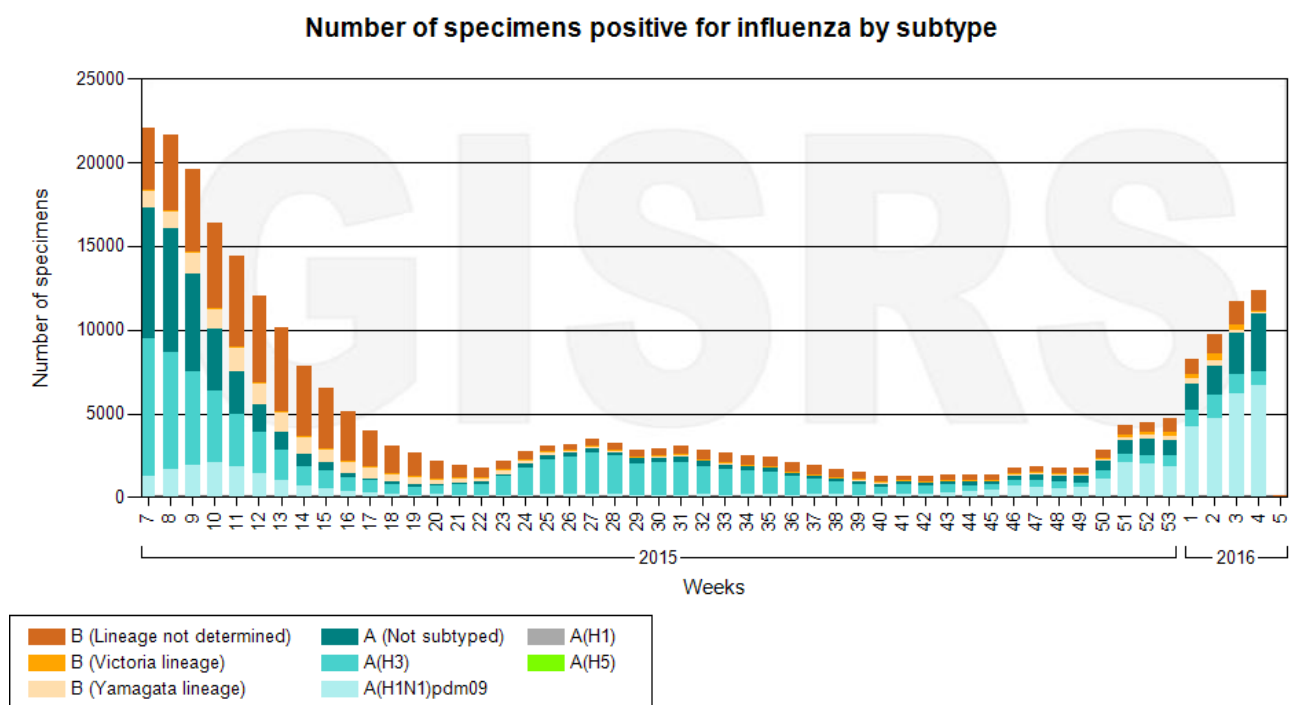
Figura 2. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus umani di sottotipo H1N1pdm09 in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.



SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali risulta in continuo aumento in diversi paesi dell'emisfero Nord, mentre rimane bassa nell'emisfero Sud. Una sostenuta circolazione continua ad essere registrata nei paesi dell'Asia Occidentale. Virus influenzali A(H1N1)pdm09, A(H3N2) e B continuano a co-circolare con diverse proporzioni, nell'ambito delle varie aree geografiche, sebbene i ceppi A(H1N1)pdm09 risultino al momento prevalenti, ad eccezione della Cina del Nord dove vi è una prevalenza di virus A(H3N2) e B.

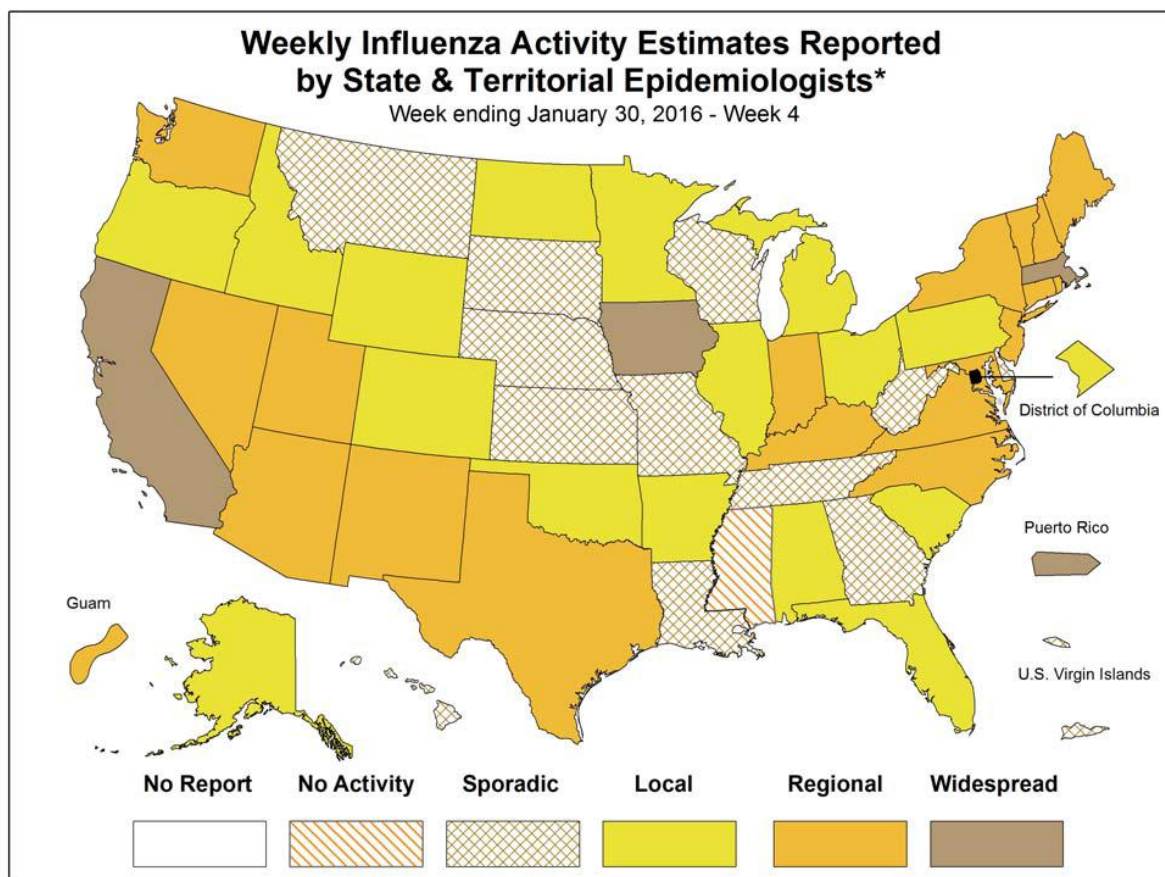
Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali per tipi e sottotipi aggiornata alla 4^a settimana di sorveglianza.



USA

La figura sottostante si riferisce alla 4^a settimana di sorveglianza (ultimo aggiornamento: 30 gennaio 2016).

Anche in quest'ultima settimana di sorveglianza viene segnalata una circolazione di virus influenzali in aumento, con prevalenza dei ceppi influenzali di tipo A(H1N1)pdm09.



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

In particolare, nella 4^a settimana di sorveglianza, sono stati testati **1.255** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica e **368** sono risultati positivi al virus influenzale. I ceppi di tipo A (74,2%) sono sempre prevalenti rispetto ai virus tipo B (25,8%). Tra i virus di tipo A sottotipizzati, 55 sono risultati H3N2 (20,1%) e 167 H1N1pdm09 (61,2%).

	Week 4	Data Cumulative since October 4, 2015 (Week 40)
No. of specimens tested	1.255	23.304
No. of positive specimens	368	2.709
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	273 (74,2%)	2.060 (76,0%)
H1N1pdm09	167 (61,2%)	1.134 (55,0%)
H3	55 (20,1%)	749 (36,4%)
Subtyping not performed	51 (18,7%)	177 (8,6%)
Influenza B	95 (25,8%)	649 (24,0%)
Yamagata lineage	36 (37,9%)	290 (44,7%)
Victoria lineage	15 (15,8%)	83 (12,8%)
Lineage not performed	44 (46,3%)	276 (42,5%)

Il CDC riporta che, nell'ambito delle 407 caratterizzazioni finora effettuate a partire dal 1° ottobre 2015:

- 130/130 (100%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati sono risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/California/7/2009;
- 190/190 (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, 93 ceppi sono stati antigenicamente caratterizzati e 92/93 (98,9%) sono risultati A/Switzerland/9715293/2013-like in saggi HI o di neutralizzazione;
- 87 sono i virus di tipo **B** analizzati, di cui 52 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 [CDC](http://www.cdc.gov).



EUROPA

L'ECDC (TESSy) riporta una circolazione di virus influenzali ancora in aumento in tutti i Paesi europei. I ceppi A(H1N1)pdm09 rimangono prevalenti (67% delle identificazioni virali tra i campioni raccolti nell'ambito della sorveglianza sentinella, durante la 4^a settimana). La predominanza di questo sottotipo virale risulta correlata ad un aumento di casi severi, in particolare per la fascia di età compresa tra 15-64 anni.

Nella 5^a settimana, vengono riportati ad oggi i dati relativi a 3.288 identificazioni virali. In particolare:

- 2.417 virus sono risultati appartenenti al tipo A: di questi 1.515 sono stati sottotipizzati come H1N1pdm09 e 403 come H3N2. Ulteriori 499 virus di tipo A non sono stati ancora caratterizzati;
- 867 virus sono risultati appartenenti al tipo B; tra questi, 69 sono risultati appartenere al lineaggio B-Victoria e soltanto 2 al lineaggio B-Yamagata. I rimanenti 796 ceppi non sono stati ancora caratterizzati.

Total of Viral Detections in the Season up till Week 5, 2016

Virus type/subtype	Current week		Season	
	Sentinel	Non-sentinel	Sentinel	Non-sentinel
Influenza A	522	1899	4062	28275
A(H1)pdm09	391	1124	3233	17270
A (subtyping not performed)	45	454	193	8842
A (H3)	84	319	631	2128
Influenza B	313	554	1451	3149
B(Vic) lineage	53	16	335	173
B(Yam) lineage	2	0	19	58
Unknown lineage	258	538	1097	2918
Total	835	2453	5513	31424

This report has been generated from data submitted to TESSy, The European Surveillance System on 2016-02-10. Page: 1 of 1. The report reflects the state of submissions in TESSy as of 2016-02-10 at 15:00



La caratterizzazione molecolare condotta su 1.116 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 225 virus **H3N2** isolati mostrano che 144 ceppi (64%) risultano appartenere al sottogruppo 3C.2a (A/Hong Kong/4801/2014), 78 (35%) al sottogruppo 3C.3a (A/Switzerland/9715293/2013) ed i restanti 3 (1%) al sottogruppo 3C.3 (A/Samara/73/2013).

Nell'ambito dei 159 virus di tipo **B** finora analizzati, 123 (77%) sono risultati appartenere al lineaggio B-Victoria e 36 (23%) al lineaggio B-Yamagata.

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

