



Rapporto N. 12 del 9 febbraio 2022

Settimana 05/2022

CENTRO NAZIONALE OMS per l'INFLUENZA / NIC-DMI

Gruppo di lavoro:

Simona Puzelli
Angela Di Martino
Marzia Facchini
Giuseppina Di Mario
Laura Calzoletti
Concetta Fabiani

In evidenza

- Durante la quinta settimana di sorveglianza virologica del 2022, si osserva una circolazione limitata dei virus influenzali sul territorio nazionale.
- In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) dei virus influenzali A(H3N2) identificati in Italia nella presente stagione 2021/2022 (Figura 4).

ITALIA

Durante la settimana 05/2022 sono stati segnalati, attraverso il portale InfluenzaNet, **265** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete InfluenzaNet e, tra i **255** analizzati, **7 (2,7%)** sono risultati positivi per influenza, tutti di tipo **A** (3 di sottotipo **H3N2** e 4 non ancora sottotipizzati). Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 72 sono risultati positivi al SARS-CoV-2.

Nel complesso, dall'inizio della stagione ad oggi, su un totale di **5.436** campioni clinici raccolti dai diversi laboratori, **70 (1,3%)** sono risultati positivi al virus influenzale, di cui 65 di tipo **A** (92,8%) e 5 di tipo **B** (7,2%).

Nell'ambito dei virus A, 44 sono risultati H3N2 (68%) e 6 H1N1pdm09 (9%), mentre 15 non sono stati ancora sottotipizzati (23%). Tra i suddetti campioni finora analizzati, 1.549 (28%) sono risultati positivi al SARS-CoV-2.

In Tabella 1 sono elencati i laboratori che hanno comunicato i dati riguardanti le indagini di laboratorio ed in Figura 1 vengono riportate le positività al virus influenzale in Italia, relativamente alla 5^a settimana del 2022. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2021-05/2022).

Nelle Figure 2 e 3 viene riportato l'andamento settimanale dei campioni positivi al virus influenzale e la relativa distribuzione per tipo/sottotipo, nella stagione in corso.

Tabella 1 Laboratori Influnet che hanno comunicato i dati nella 5^a settimana del 2022

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	P. Bagnarelli
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
COSENZA	AO di Cosenza	F. Greco
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	L. Atripaldi
PADOVA	UNIVERSITA'	A. Crisanti
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni, M.E. Colucci
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro

Figura 1 Laboratori Influnet regionali che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 5^a settimana del 2022

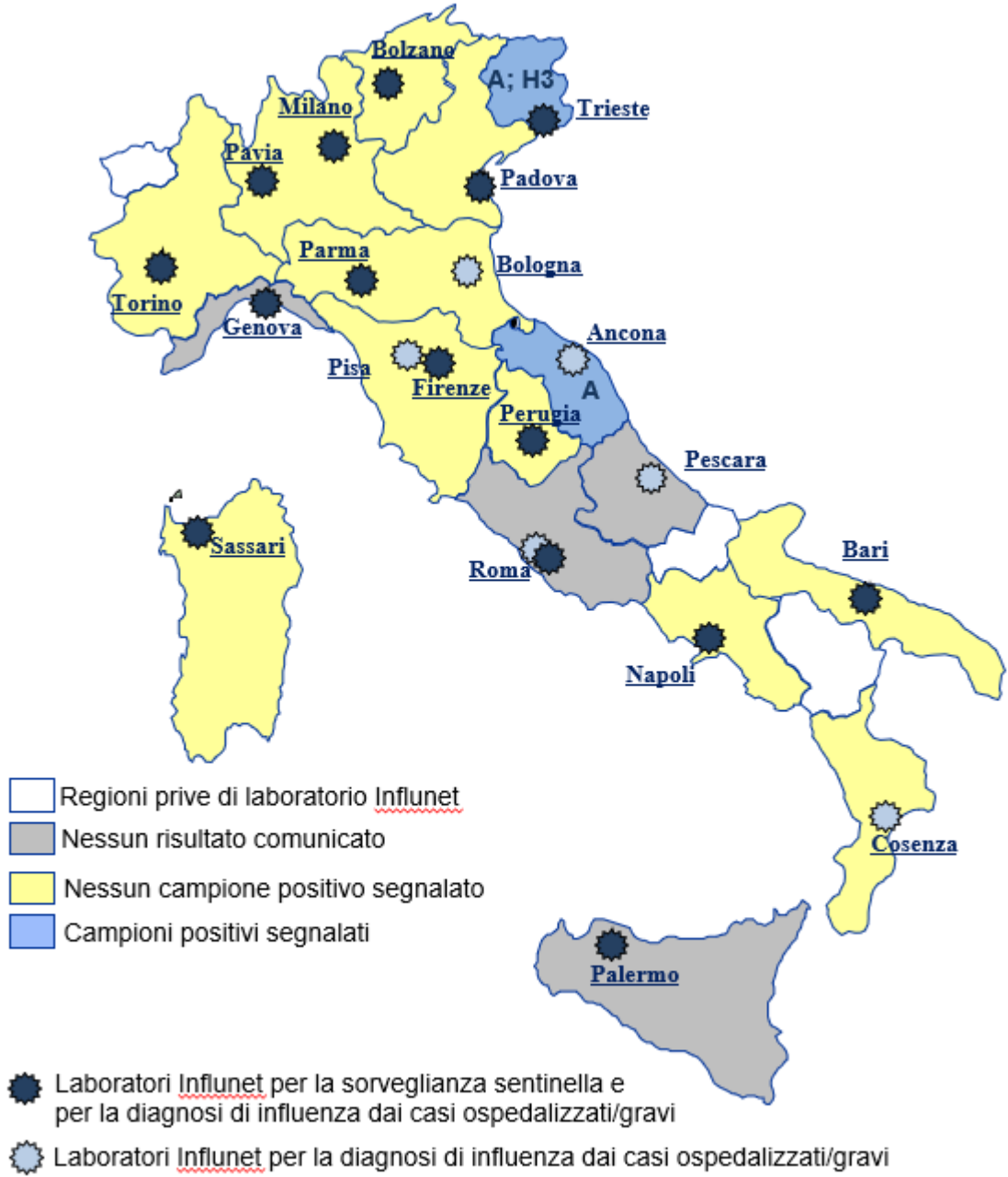


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia (a partire dalla settimana 46/2021)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	TOT
FLU A	2	3	1	2	3	10	4	9	3	8	13	7	65
A	0	0	1	0	0	2	0	2	0	2	4	4	15
A(H3N2)	2	3	0	2	3	7	3	7	2	5	7	3	44
A(H1N1)pdm2009	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	2	0	6
FLU B	1	0	0	2	1	1	0	0	0	0	0	0	5
TOT POSITIVI	3	3	1	4	4	11	4	9	3	8	13	7	70*

*Su un totale di 5.436 campioni clinici pervenuti in laboratorio

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 2020/2021

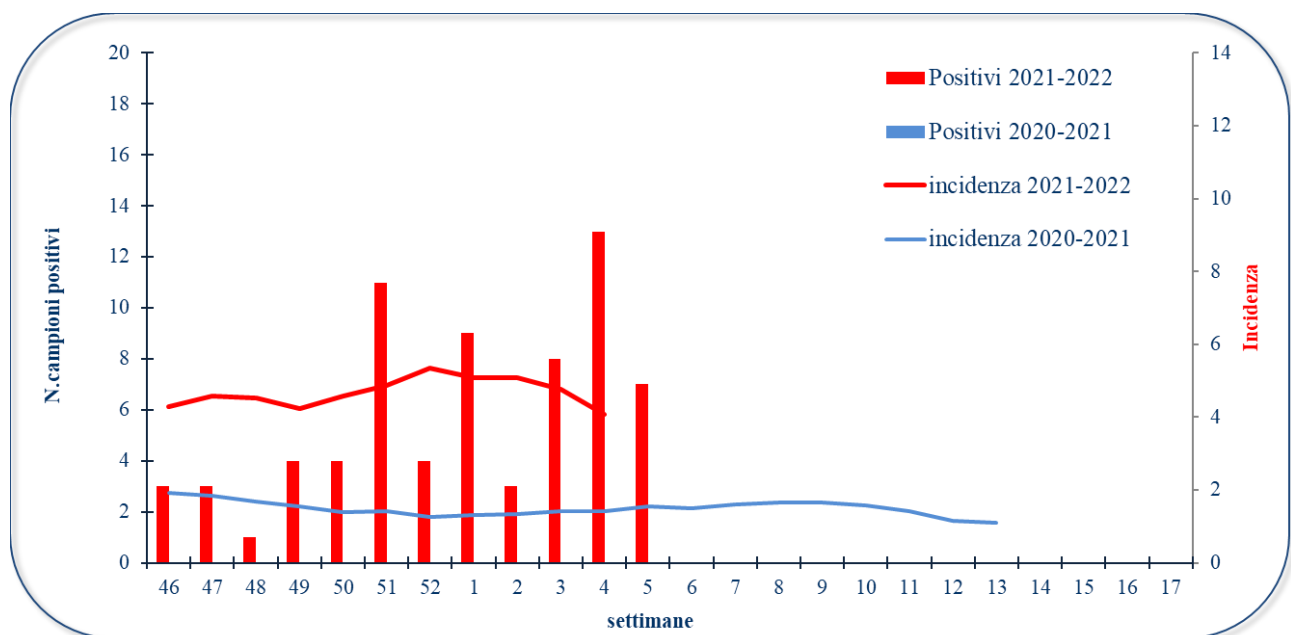
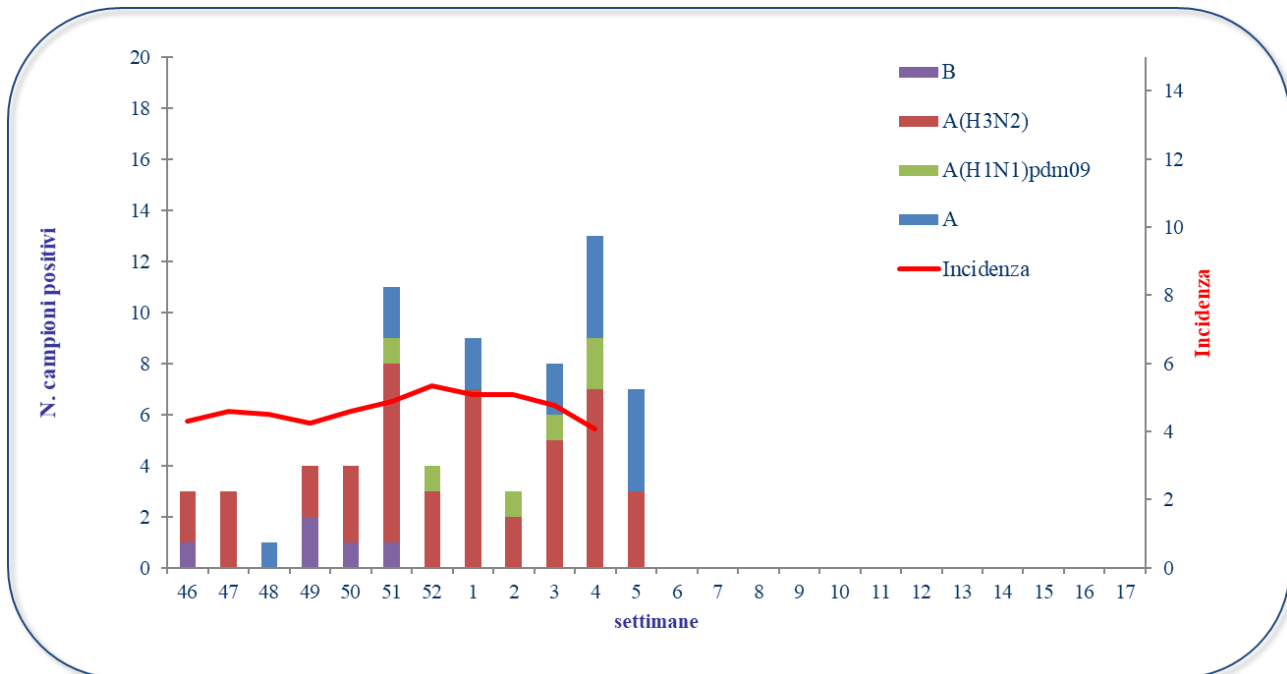


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2021/2022)



Virus A(H3N2) – caratteristiche molecolari ed analisi filogenetica

Nel complesso, dall’inizio della stagione, i virus A(H3N2) hanno rappresentato il 63% dei campioni risultati positivi all’influenza.

L’analisi filogenetica relativa al gene HA di una selezione dei virus influenzali A(H3N2) finora identificati in Italia, evidenzia l’appartenenza della maggior parte dei ceppi al sottogruppo genetico **3C.2a1b.2a.2** (ceppo di riferimento: A/Bangladesh/4005/2020), definito dalle sostituzioni aminoacidiche Y159N, T160I, L164Q, D190N e Y195F. Altri virus, sebbene in proporzione minore, si raggruppano rispettivamente nel *subclade* **3C.2a1b.2a.1** (ceppo di riferimento vaccinale: A/Cambodia/e0826360/2020) e nel *subclade* **3C.2a1b.1a** (ceppo di riferimento: A/Denmark/3264/2019).

Figura 4. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus A(H3N2) isolati in Italia durante la presente stagione 2021/2022 (analisi effettuate presso il NIC-ISS)

*: sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

Ceppo vaccinale (stagione 2021/2022)

Ceppi di riferimento

Data prelievo:

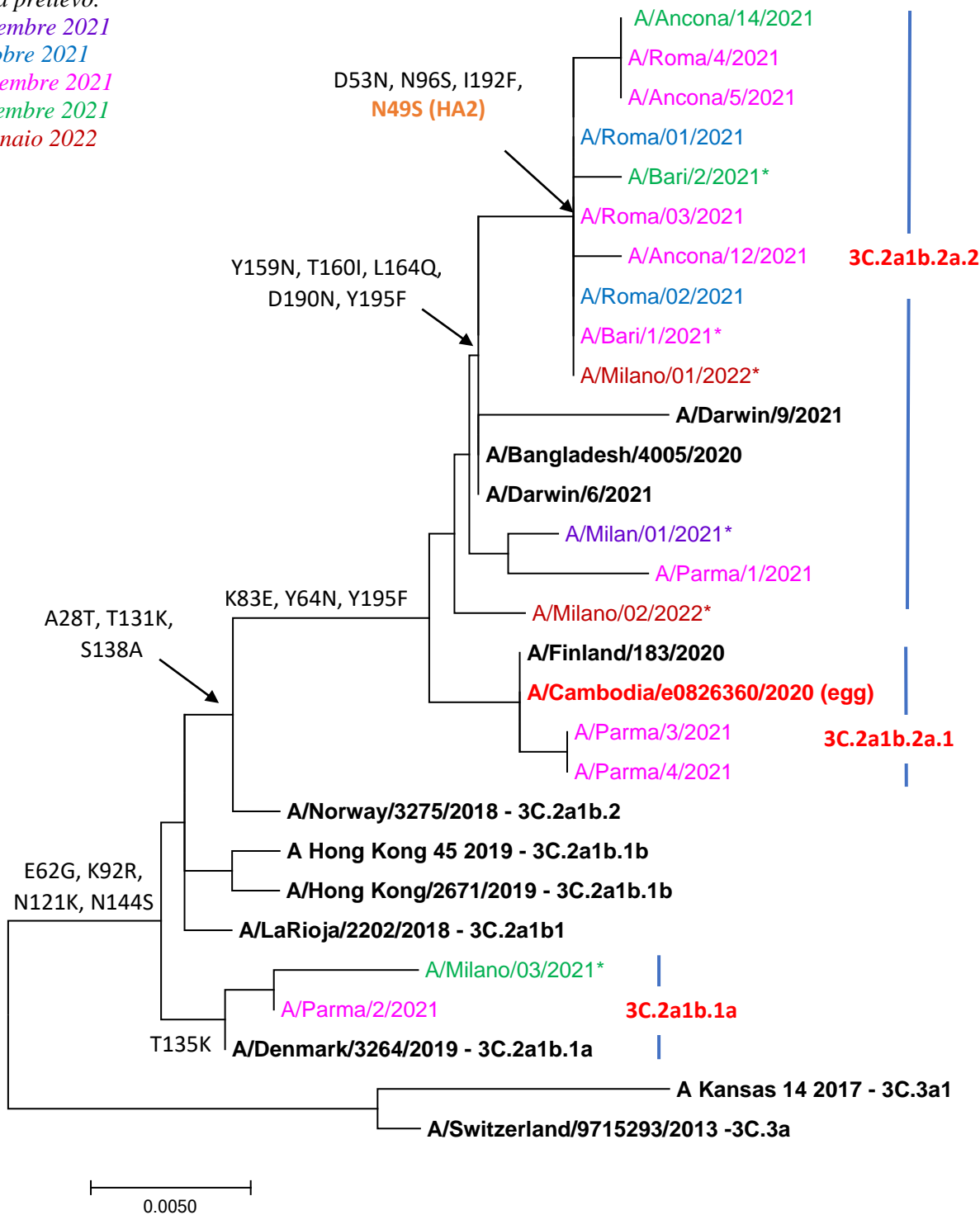
Settembre 2021

Ottobre 2021

Novembre 2021

Dicembre 2021

Gennaio 2022



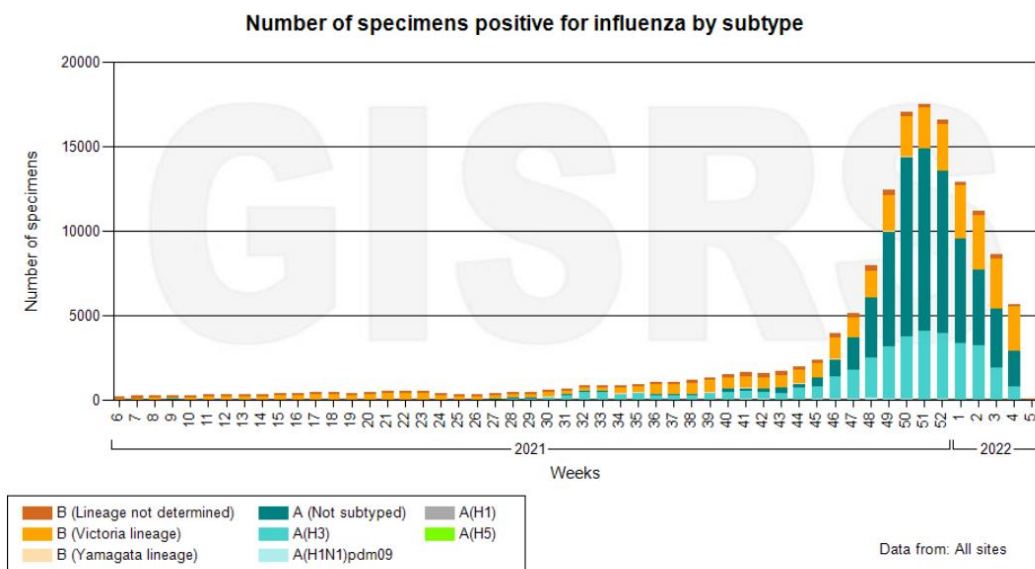
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Nel complesso, la circolazione dei virus influenzali si mantiene a bassi livelli e risulta in diminuzione dopo un picco registrato alla fine del 2021.

Nelle zone temperate dell'emisfero Nord, si osserva una diminuzione nelle identificazioni virali, prevalentemente associate ai ceppi A(H3N2) e B/Victoria. In Nord-America ed in Europa le identificazioni dei virus influenzali sono in diminuzione e prevalentemente associate al sottotipo A(H3N2); nel complesso si mantengono a livelli più bassi rispetto allo stesso periodo delle stagioni scorse, ad eccezione della 2020/2021. Nei paesi dell'Asia orientale, l'attività virale resta bassa ma si evidenzia un *trend* in aumento solo in Cina, dove prevalgono i virus B/Victoria. In alcuni paesi dell'Asia occidentale, del nord-Africa e dell'America centrale l'attività dei virus influenzali si mostra più continua ed è soprattutto associata al sottotipo A(H3N2). In alcuni paesi dell'Asia meridionale, le identificazioni di virus influenzali rimangono elevate. Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, ad eccezione di alcuni paesi del Sud-America, l'attività dell'influenza si mantiene a bassi livelli.

Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali aggiornata alla 5^a settimana di sorveglianza del 2022.

Global circulation of influenza viruses

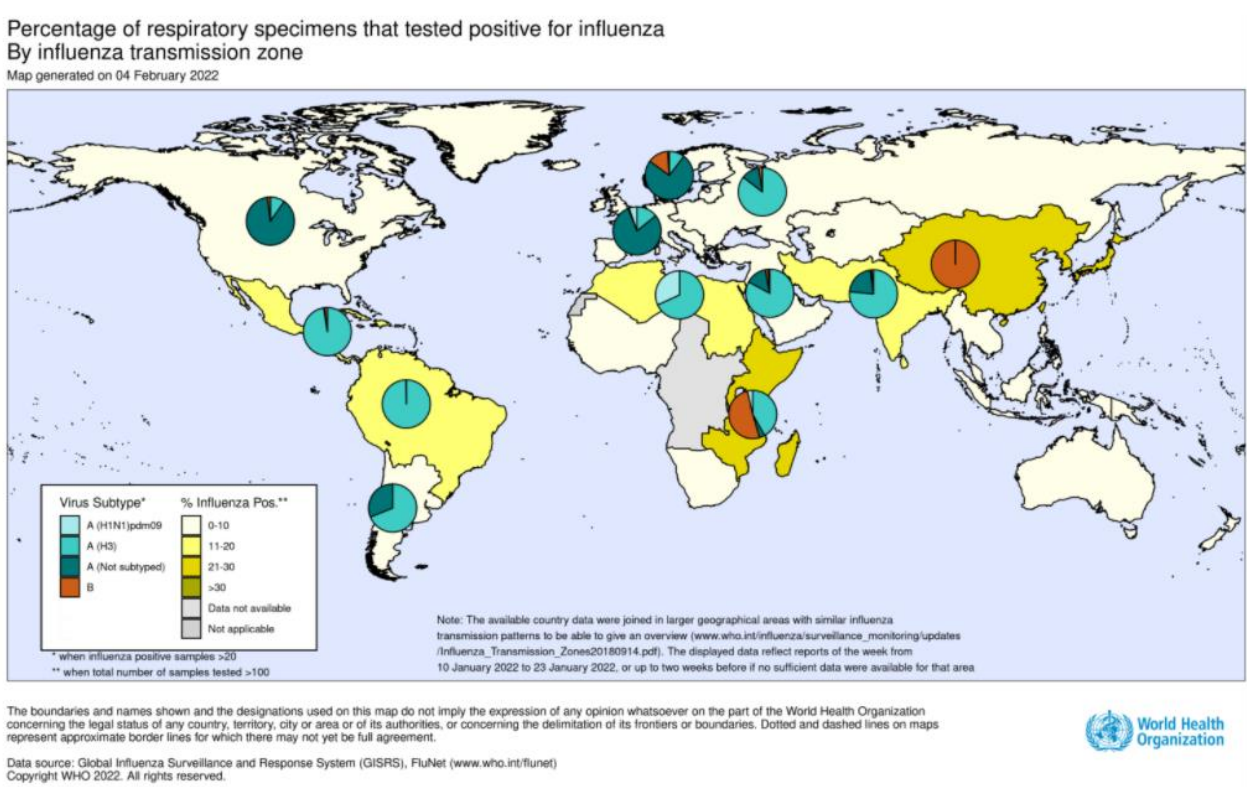


Data source: FluNet (www.who.int/fluNet), GISRS

© World Health Organization 2022

Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (7 febbraio 2022) e relativo ad oltre 608.024 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 27 dicembre 2021 e il 9 gennaio 2022, 18.237 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 11.786 (64,6%) appartenevano al tipo A e 6.451 (35,4%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 137 (3,2%) erano H1N1pdm09 e 4.116 (96,8%) H3N2. Nell'ambito dei virus B identificati, 6.162 (100%) appartenevano al lineaggio Victoria.

Nella seguente mappa viene indicata la proporzione globale dei campioni testati e risultati positivi al virus influenzale, aggiornata al 4 febbraio 2022.



USA

Negli Stati Uniti l'attività dei virus influenzali è, nel complesso, in diminuzione. La maggior parte delle identificazioni virali sono associate al sottotipo A(H3N2).

In particolare, nella settimana 4/2022, sono stati testati **32.430** campioni clinici dai laboratori di sanità pubblica che spesso ricevono campioni già risultati positivi per influenza dai laboratori clinici e pertanto la percentuale di positività non è considerata indicativa dell'attività influenzale. Dei 398 campioni risultati positivi al virus influenzale, 395 (99,2%) appartengono al tipo A e nell'ambito dei 114 ceppi sottotipizzati, il 100% appartiene al sottotipo H3N2. Tre virus B sono stati identificati (0,8%) questa settimana, uno dei quali è stato caratterizzato come B/Victoria.

	Week 4	Data Cumulative since October 3, 2021 (Week 40)
No. of specimens tested	32,430	525,242
No. of positive specimens	398	10,763
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	395 (99.2%)	10,676 (99.2%)
(H1N1)pdm09	0	5 (0.1%)
H3N2	114 (100%)	7,400 (99.9%)
H3N2v	0	1 (<0.1%)
Subtyping not performed	281	3,270
Influenza B	3 (0.8%)	87 (0.8%)
Yamagata lineage	0	1 (2.9%)
Victoria lineage	1 (100%)	33 (97.1%)
Lineage not performed	2	53

Il CDC riporta che nell'ambito dei 526 ceppi virali, raccolti tra il 3 ottobre e il 29 gennaio 2022, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 2/3 (67%) ceppi **H1N1pdm09** analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.1, l'altro al sottogruppo 6B.1A.5a.2.
- 503/503 (100%) ceppi **H3N2** geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al sub-clade 3C.2a1b. In particolare 501 (99,6%) dei suddetti ceppi sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 3C.2a1b.2a2, rappresentato dal ceppo A/Bangladesh/4005/2020.
- 20 sono i virus di tipo **B** analizzati, tutti appartenenti al lineaggio Victoria.

Tutti i ceppi Victoria sono risultati filogeneticamente appartenenti al *clade* V1A; in particolare, 9 ceppi (45%) sono risultati correlati al *sub-clade* V1A.3, in quanto caratterizzati dalla delezione di 3 aminoacidi (162-164) a cui appartiene il ceppo vaccinale B/Washington/02/2019, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2021/2022 nell'Emisfero Nord. Altri 11 (55%) sono risultati correlati al *sub-clade* V1A.3a.2, a cui appartiene il ceppo B/Austria/1359417/2021, incluso nella formulazione vaccinale per il 2022 nell'Emisfero Sud.

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

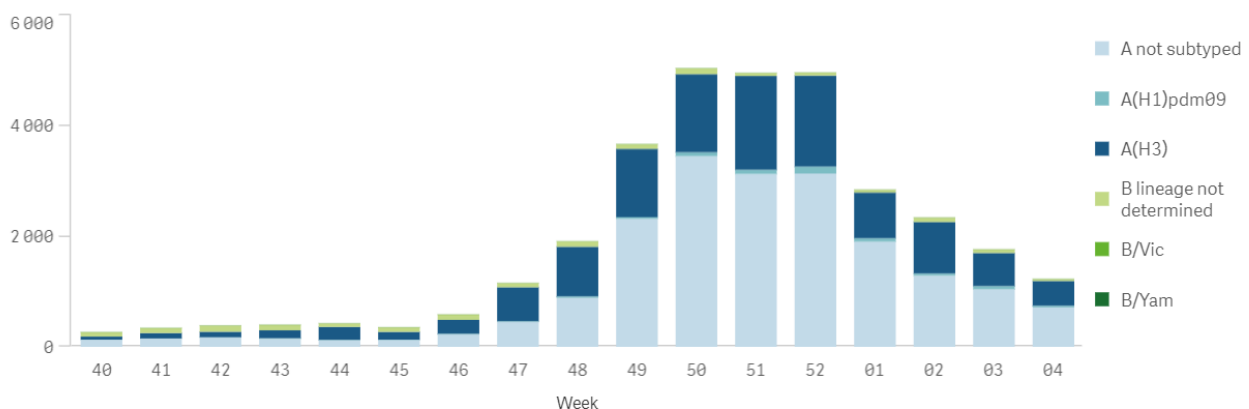
EUROPA

L'ECDC (TESSy) riporta livelli medi o alti di attività dei virus influenzali in sei paesi. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 4^a settimana di sorveglianza del 2022, è stata segnalata una positività del 5% al virus influenzale, in diminuzione rispetto a quanto registrato nella settimana precedente. Le identificazioni virali sono associate sia al tipo A, prevalentemente al sottotipo H3N2, sia al tipo B.

Nella 4^a settimana del 2022, vengono riportati i dati relativi a **1.231** identificazioni virali. In particolare:

- 1.197 (97%) virus sono risultati appartenere al tipo A: dei 477 virus sottotipizzati, 447 (94%) sono risultati A(H3) e 30 (6%) A(H1)pdm09.
- 34 (3%) virus sono risultati appartenere al tipo B, nessuno dei quali è stato caratterizzato.

Influenza virus detections by type, subtype/lineage and week - Multiple regions selected, season 2021/2022



Dall'inizio della stagione, 32.657 campioni clinici, su un totale di 1.241.745 campioni raccolti da fonti non-sentinella (ospedali, scuole, strutture di assistenza primaria non incluse nella sorveglianza sentinella etc.), sono risultati positivi all'influenza; di questi, 31.322 (96%) appartenevano al tipo A e 1.335 (4%) al tipo B. Tra gli 11.888 ceppi A sottotipizzati, 11.296 (95%) sono risultati A(H3) e 592 (5%) A(H1)pdm09. Nell'ambito dei virus B caratterizzati, 8 sono risultati appartenere al lineaggio Victoria ed uno al lineaggio Yamagata. I dati qui riportati, aggiornati al 9 febbraio 2022, sono riassunti nella tabella sottostante.

Virus tipo/sottotipo	Settimana 04-2022 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Settimana 04-2022 % di virus influenzali identificati	Stagione 2021/2022 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Stagione 2021/2022 % di virus influenzali identificati
Totale identificazioni (testati)	1.231 (93.084)	1%	32.657 (1.241.745)	3%
Influenza A	1.197	97%	31.322	96%
A non sottotipizzati	720	60%	19.434	62%
A(H1)pdm09	30	3%	592	2%
A(H3)	447	37%	11.296	36%
Influenza B	34	3%	1.335	4%
B lineaggio non determinato	34	100%	1.326	99%
B/Victoria	0	0%	8	1%
B/Yamagata	0	0%	1	0%

Per quanto riguarda la sorveglianza sentinella, 1.139 campioni clinici sono stati raccolti durante la 4^a settimana del 2022 e 62 (5%) sono risultati positivi per influenza, tutti di tipo A. Tra i 52 virus A sottotipizzati, l'88% apparteneva al sottotipo H3 e il 12% al sottotipo H1N1pdm09.

Dall'inizio della stagione (settimane 40/2021-4/2022), 1.996 (7%) di 28.588 campioni analizzati sono risultati positivi, 1.970 di tipo A (99%) e 26 di tipo B (1%). Tra i 1.407 virus A sottotipizzati, 1.327 (94%) erano A(H3) e 80 (6%) A(H1)pdm09. Tutti i 5 virus B caratterizzati appartenevano al lineaggio Victoria.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2021, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 682 ceppi virali:

- 642/648 virus di **tipo A**, sottotipo **H3N2** sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b.2a.2, rappresentato dal ceppo A/Bangladesh/4005/2020, mentre altri 6 sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b.1a.
- 22/28 virus di **tipo A**, sottotipo **H1N1pdm09** analizzati è risultato appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.1.
- Dei 6 virus **B/Victoria** caratterizzati, 5 appartenevano al *clade* V1A.3a.2 e uno al *clade* V1A.3.

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