



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 14 del 24 febbraio 2023

Dati relativi alla SETTIMANA 07/2023

CENTRO NAZIONALE OMS PER L'INFLUENZA / NIC

Dipartimento di Malattie Infettive

Il presente rapporto riporta i risultati delle indagini di laboratorio eseguite su campioni clinici prelevati in Italia durante la settimana 07/2023 (13 - 19 febbraio 2023), nell'ambito delle attività di sorveglianza virologica dell'influenza. I dati sono elaborati dal Centro Nazionale OMS per l'influenza presso il Dipartimento Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità (NIC/ISS).

1 di 14



In evidenza

- Durante la settimana 07/2023 si registra un ulteriore, seppure lieve, incremento nella proporzione dei campioni risultati positivi per influenza (11,9%) rispetto alla settimana precedente (10,3%), in associazione ad un recente aumento del numero di identificazioni virali attribuibili al sottotipo A(H1N1)pdm09 e al tipo B.
- Nel complesso, dall'inizio della stagione, 4.991 campioni clinici sono risultati positivi al virus influenzale. Di questi, 4.675 sono risultati di tipo A (94%) e 316 di tipo B (6%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato finora predominante.
- In questo report viene incluso un aggiornamento sui risultati delle analisi filogenetiche condotte sulle emagglutinine (HA) dei virus influenzali A(H1N1)pdm09 circolanti in Italia nell'attuale stagione influenzale 2022/2023 (Figura 5).

ITALIA

Durante la settimana 07/2023 sono stati segnalati, attraverso il portale InfluenzaNet, **955** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete InfluenzaNet e, tra gli **897** analizzati, **107 (11,9%)** sono risultati **positivi al virus influenzale**. In particolare, 46 sono risultati di tipo **A** (5 di sottotipo **H3N2**, 34 **H1N1pdm09** e 7 non ancora sottotipizzati) e 61 di tipo **B**.

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 59 (**6,6%**) sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, mentre 207 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 66 (**7,3%**) **RSV**, 56 (6,2%) Metapneumovirus, 53 (5,9%) Rhinovirus, 18 Adenovirus, 7 virus Parainfluenzali, 6 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2 e un Bocavirus.

Nel complesso, dall'inizio della stagione fino alla settimana 07/2023, su un totale di 19.699 campioni clinici raccolti dai diversi laboratori, **4.991 (25,3%)** sono risultati positivi al virus influenzale, di cui 4.675 di **tipo A (93,7%)** e 316 di **tipo B (6,3%)**. Nell'ambito dei virus A, 3.869 sono risultati H3N2 (82,7%) e 464 H1N1pdm09 (9,9%), mentre 342 non sono stati ancora sottotipizzati.

Tra i suddetti campioni finora analizzati, 1.442 (7%) sono risultati positivi al **SARS-CoV-2** e 4.493 (22,8%) ad altri virus respiratori, per la maggior parte **RSV** (15%).

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 7^a settimana del 2023. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2022-07/2023). 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, mentre in Figura 4 viene riportato l'andamento settimanale dei campioni positivi ad altri virus respiratori.

Tabella 1 Laboratori regionali Influnet che hanno comunicato i dati nella 7^a settimana del 2023

Città	Laboratorio	Referente
ANCONA	UNIVERSITA'	S.Menzo
AOSTA	AO "Umberto Parini"	M. Di Benedetto
BARI	UOC Policlinico di Bari	M. Chironna
BOLZANO	AS Alto Adige	E. Pagani
COSENZA	AO "Annunziata"	F. Greco
FIRENZE	UNIVERSITA'	G.M. Rossolini
GENOVA	UNIVERSITA'	G. Icardi
MILANO	UNIVERSITA'	E. Pariani
NAPOLI	AO dei Colli Monaldi-Cotugno	L. Atripaldi
PADOVA	UNIVERSITA'	A. Dei Tos
PALERMO	UNIVERSITA'	F. Vitale
PARMA	UNIVERSITA'	P. Affanni, M.E. Colucci
PAVIA	IRCCS "San Matteo"	F. Baldanti
PERUGIA	UNIVERSITA'	B. Camilloni
PISA	AO Universitaria Pisana	M. L. Vatteroni
ROMA	UNIVERSITA' CATTOLICA	M. Sanguinetti
SASSARI	UNIVERSITA'	C. Serra
TORINO	AO "Amedeo di Savoia"	V. Ghisetti
TRIESTE	UNIVERSITA'	P. D'Agaro

Figura 1 Laboratori regionali Influnet che hanno comunicato i dati e le positività al virus influenzale nella 7^a settimana del 2023

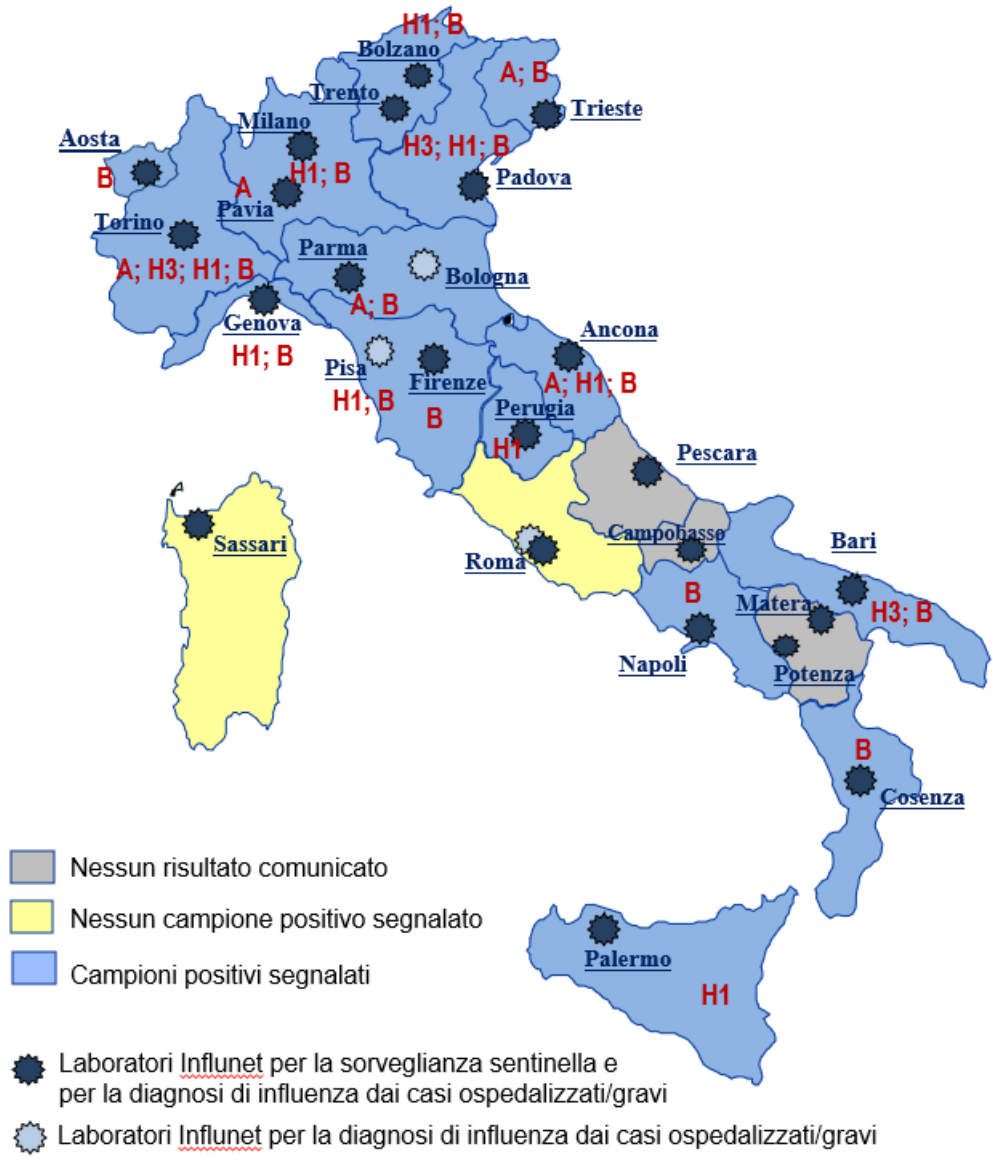


Tabella 2 Risultati delle tipizzazioni/sottotipizzazioni dei virus influenzali circolanti in Italia
(a partire dalla settimana 46/2022)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	TOT
FLU A	285	441	710	729	647	603	428	297	163	148	77	52	49	46	4.675
A	15	28	44	47	27	56	37	23	21	17	9	4	7	7	342
A(H3N2)	256	407	636	647	587	506	337	234	91	90	38	22	13	5	3.869
A(H1N1)pdm2009	14	6	30	35	33	41	54	40	51	41	30	26	29	34	464
FLU B	2	1	1	9	12	8	12	16	19	42	35	46	52	61	316
TOT POSITIVI	287	442	711	738	659	611	440	313	182	190	112	98	101	107	4.991*

*Su un totale di 19.699 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 al virus influenzale della presente stagione rispetto alla stagione 2021/2022

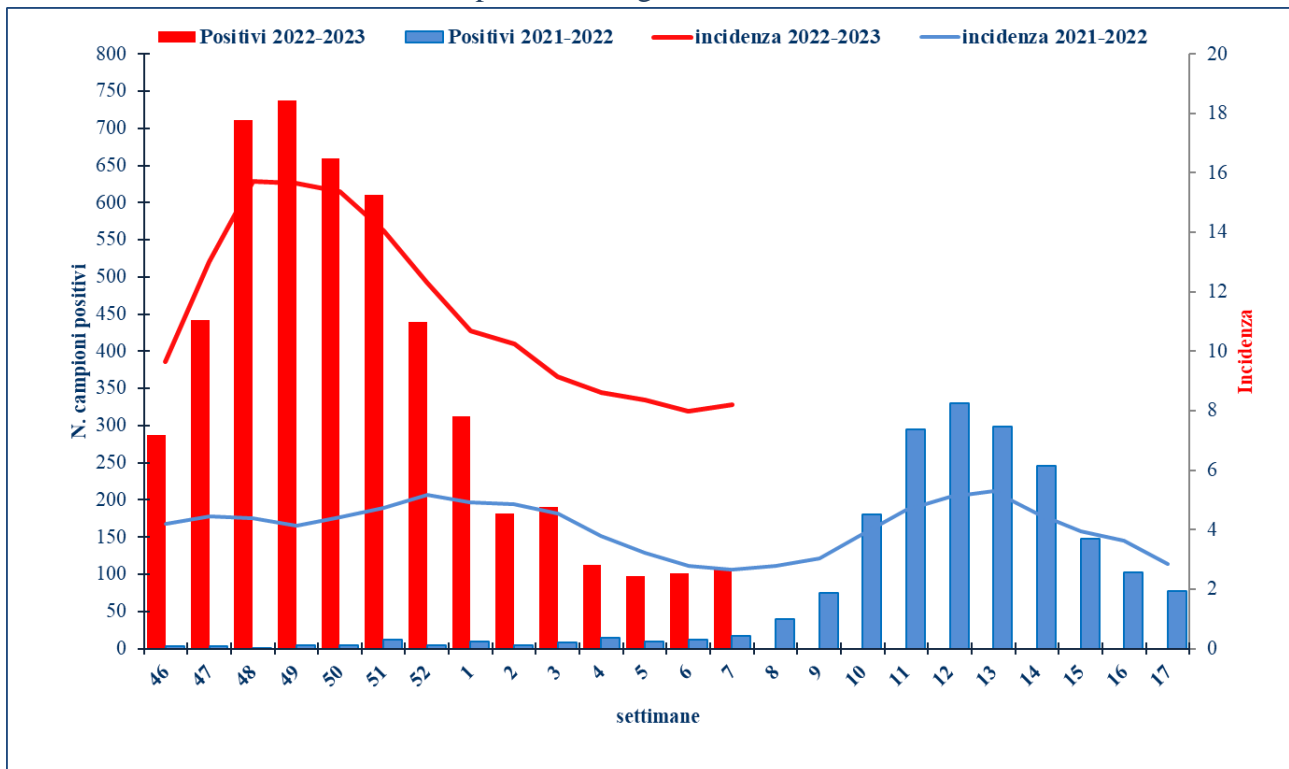


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2022/2023)

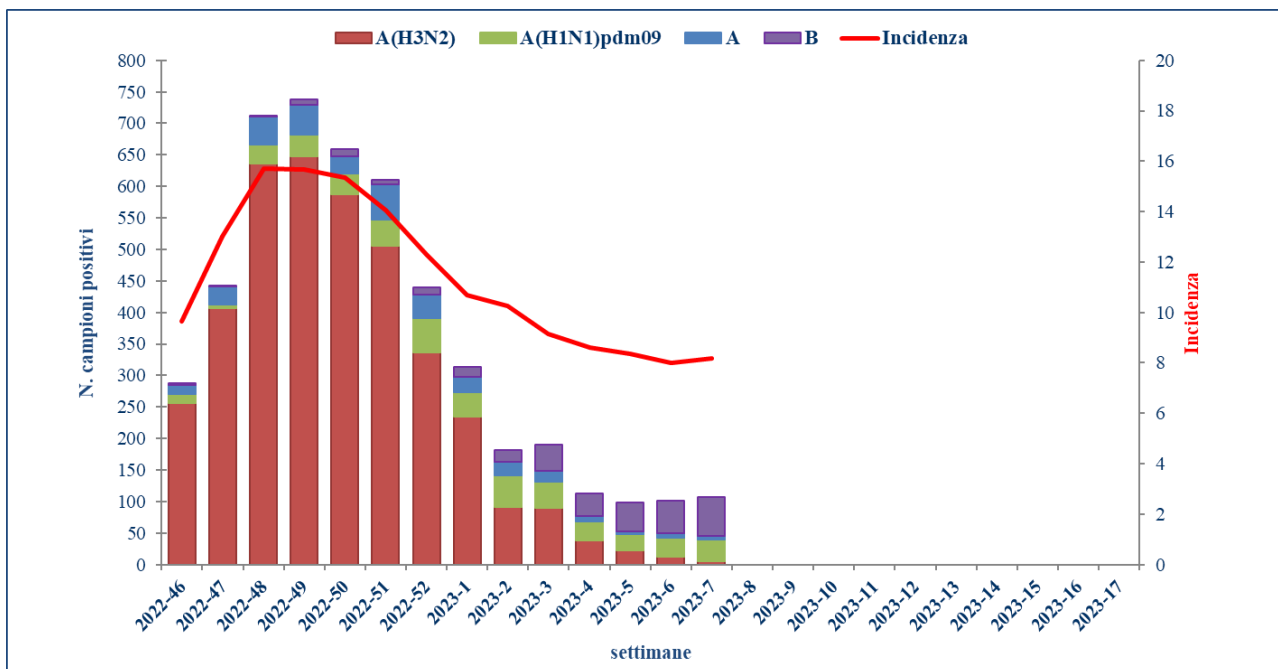
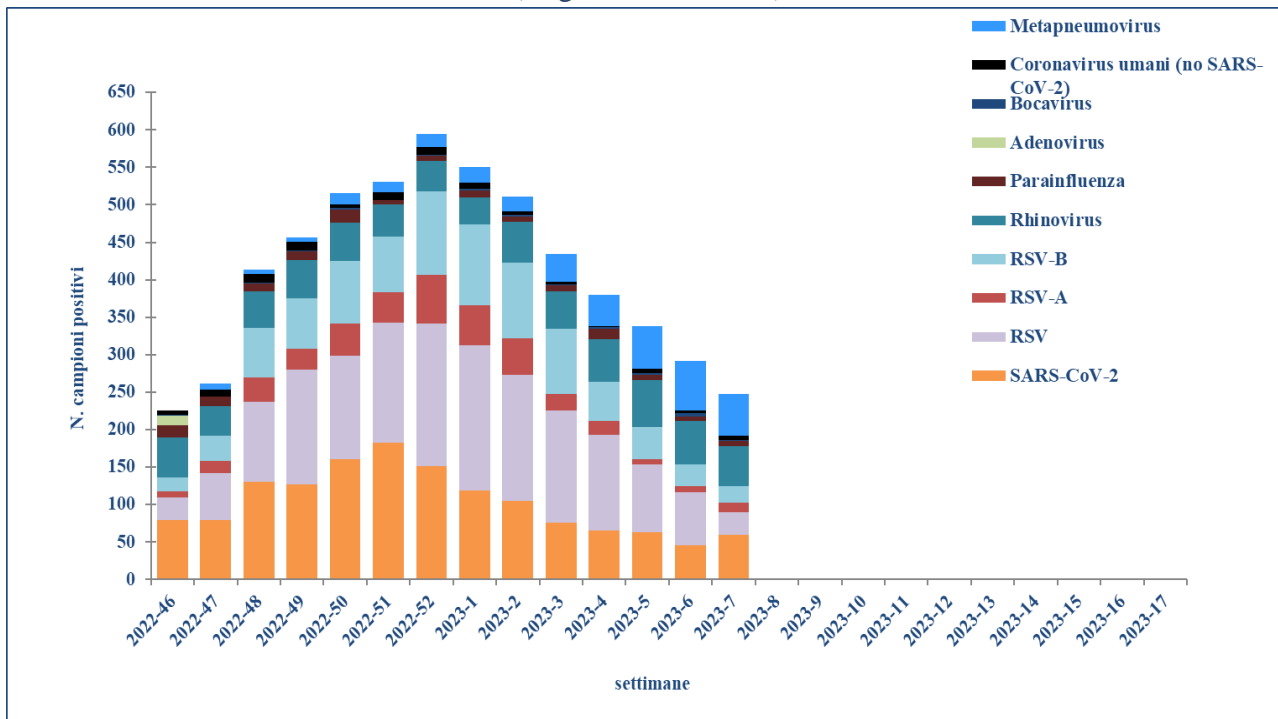


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad altri virus respiratori (stagione 2022/2023)



Virus A(H1N1)pdm09 – Circolazione, caratteristiche ed analisi filogenetica

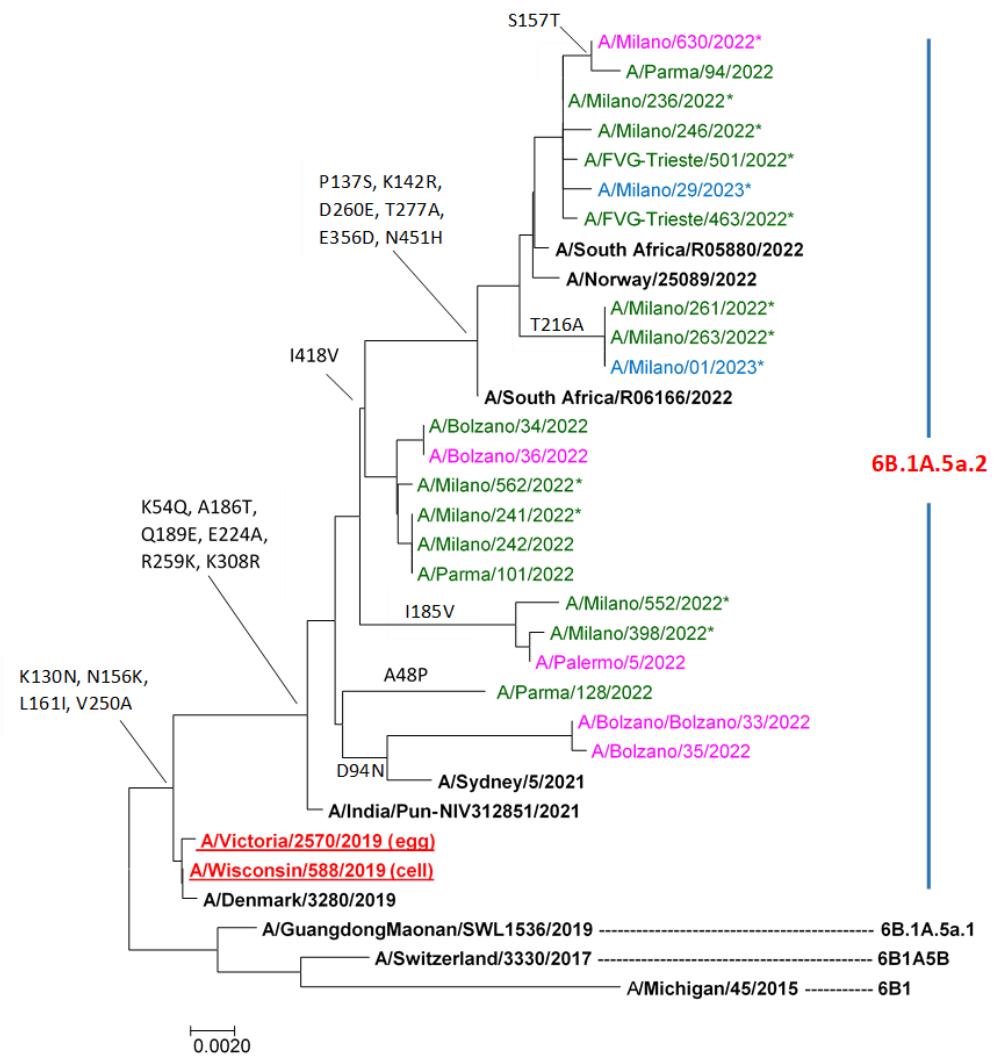
La stagione influenzale 2022/2023 è stata finora caratterizzata da una prevalente circolazione di virus di tipo A (93,7% dei campioni risultati positivi all'influenza in Italia). Nell'ambito dei virus di tipo A ad oggi sottotipizzati, i ceppi H1N1pdm09 hanno rappresentato il 10,7%, mentre i ceppi H3N2 il restante 89,3%.

Le analisi molecolari e filogenetiche relative al gene HA di una selezione dei virus influenzali **A(H1N1)pdm09** attualmente circolanti in Italia, hanno evidenziato l'appartenenza di tutti i ceppi analizzati al *sub-clade* **6B.1A.5a.2**, definito dalle sostituzioni aminoacidiche K130N, N156K, L161I e V250A nella porzione HA1 della HA (sottogruppo genetico a cui appartengono anche i ceppi vaccinali A/Victoria/2570/2019 e A/Wisconsin/588/2019). Sebbene si osservi un certo grado di differenziazione genetica all'interno di questo *sub-clade*, tutti i virus analizzati risultano caratterizzati dalle sostituzioni aminoacidiche aggiuntive K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K and K308R in HA1, rispetto ai suddetti ceppi vaccinali e circa la metà di questi presenta le ulteriori sostituzioni P137S, K142R, D260E, T277A, E356D e N451H (ceppo di riferimento: A/Norway/25089/2022).

Figura 5. Relazioni filogenetiche relative al gene HA di virus influenzali A(H1N1)pdm09 isolati in Italia. L'analisi filogenetica è stata effettuata presso l'ISS, utilizzando l'algoritmo Neighbor-Joining per la costruzione degli alberi filogenetici.

Ceppi vaccinali (stagioni 2021/2022 e 2022/2023)

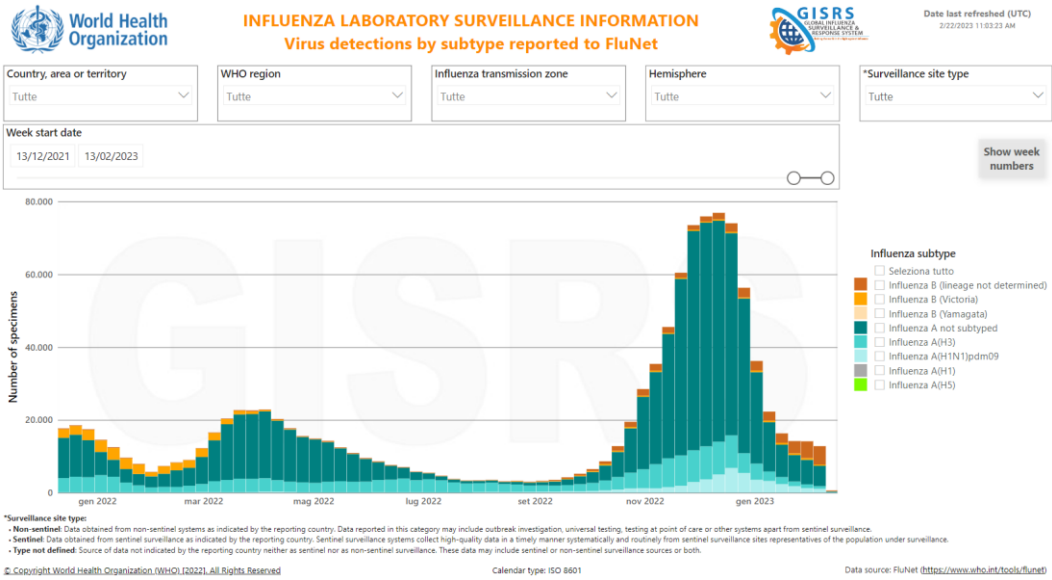
- Ceppi di riferimento**
 Data raccolta campione:
 Novembre 2022
 Dicembre 2022
 Gennaio 2023



*sequenza ottenuta presso il laboratorio regionale

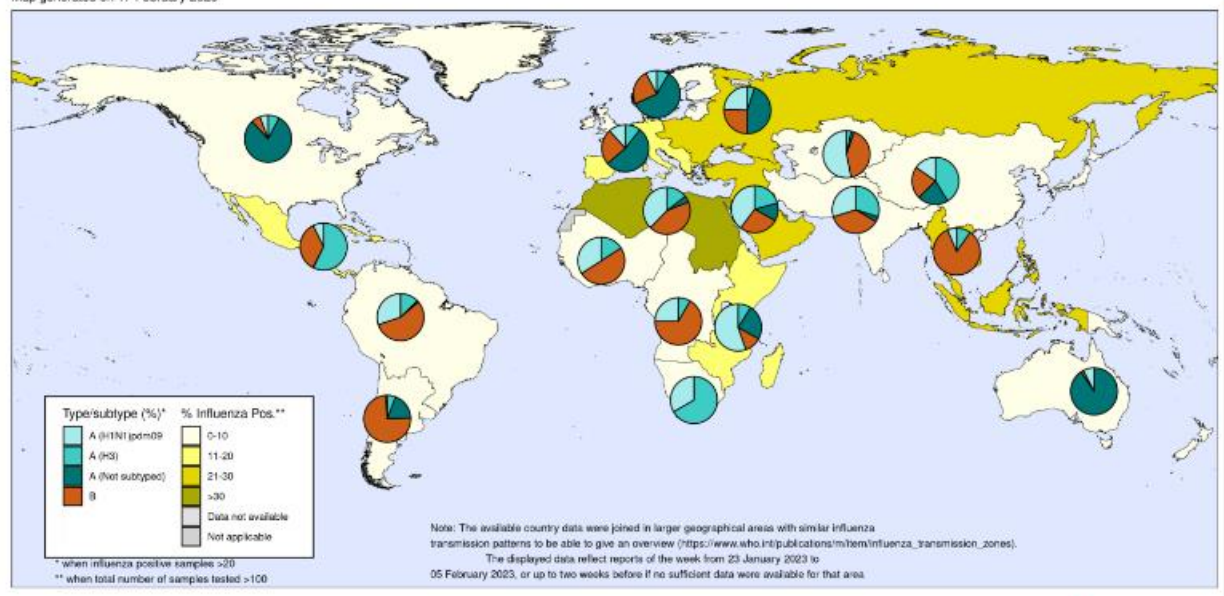
SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali è in diminuzione. I ceppi virali di tipo A risultano predominanti, con leggera prevalenza dei ceppi A(H1N1)pdm09. La proporzione delle identificazioni di virus di tipo B è aumentata nell'ultimo periodo. In Nord-America, la circolazione dei virus influenzali è diminuita, tornando ai livelli tipici per questo periodo dell'anno o addirittura al di sotto di questi; i virus A(H3N2) hanno rappresentato la maggioranza dei virus A sottotipizzati. In Europa, la circolazione dei virus influenzali è nel complesso stabile, ma con differenze a livello regionale, ed è associata ai virus di tipo A, con leggera prevalenza del sottotipo H1N1pdm09 nell'ambito dei campioni raccolti da medici sentinella. La proporzione dei virus di tipo B è aumentata nelle ultime settimane. In Asia centrale, si registra un complessivo decremento nell'attività influenzale. In Nord Africa, invece, l'attività resta elevata soprattutto in Marocco e Tunisia. In Asia sia orientale che occidentale la circolazione è ritornata a bassi livelli. In America centrale e nelle zone tropicali del sud-America e dell'Africa l'attività virale si mantiene bassa. Nei paesi del sud-est asiatico, le identificazioni di virus influenzali B restano elevate, particolarmente in Malesia. Nelle zone temperate dell'emisfero Sud, l'attività dei virus influenzali è rimasta a livelli inter-stagionali. Il grafico sottostante riporta la circolazione dei virus influenzali nel mondo, aggiornata alla 7^a settimana di sorveglianza del 2023.



Secondo quanto riportato nell'ultimo report del WHO (20 febbraio 2023) e relativo ad oltre 435.112 campioni analizzati dalla rete mondiale del WHO-GISRS, nel periodo compreso tra il 23 gennaio e il 5 febbraio 2023, 27.978 sono risultati positivi all'influenza. Di questi, 19.219 (68,7%) appartenevano al tipo A e 8.759 (31,3%) al tipo B. Tra i ceppi A sottotipizzati, 3.040 (57,9%) erano H1N1pdm09 e 2.211 (42,1%) H3N2. Nell'ambito dei virus B per i quali è stato caratterizzato il lineaggio, tutti (N=900) sono risultati appartenere al lineaggio Victoria.

Percentage of respiratory specimens that tested positive for influenza
 By influenza transmission zone
 Map generated on 17 February 2023



The boundaries and names shown and the designations used on this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted and dashed lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.

Data source: Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS), FluNet (<https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>)
 Copyright WHO 2023. All rights reserved.



USA

In tutti gli Stati Uniti, la circolazione dei virus influenzali è ora tornata a bassi livelli. Tra le identificazioni di virus influenzali A che sono stati sottotipizzati, circa il 44% viene attribuita ai virus A(H3N2) e il 56% ai ceppi A(H1N1)pdm09.

In particolare, nella settimana 05/2023, sono stati testati **6.251** 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 **135** campioni risultati positivi al virus influenzale, 121 (89,6%) appartengono al tipo A; il sottotipo H1N1pdm09 risulta leggermente prevalente (56%) rispetto al sottotipo H3N2 (44%). Quattordici virus B sono stati identificati questa settimana (10,4%), 7 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

	Week 6	Data Cumulative since October 2, 2022 (Week 40)
No. of specimens tested	6,251	172,814
No. of positive specimens	135	27,073
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	121 (89.6%)	26,916 (99.4%)
(H1N1)pdm09	47 (56.0%)	5,545 (24.9%)
H3N2	37 (44.0%)	16,728 (75.1%)
H3N2v	0	1 (<0.1%)
Subtyping not performed	37	4,642
Influenza B	14 (10.4%)	157 (0.6%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	7 (100%)	111 (100%)
Lineage not performed	7	46

Il CDC riporta che nell'ambito dei 1.963 ceppi virali, raccolti a partire dal 2 ottobre 2022, sui quali sono state effettuate caratterizzazioni genetiche:

- 699/704 (99,3%) ceppi H1N1pdm09 analizzati geneticamente sono risultati appartenere al sottogruppo genetico 6B.1A.5a.2 e uno al sottogruppo 6B.1A.5a.1. Ottantacinque ceppi H1N1pdm09 sono stati caratterizzati dal punto di vista antigenico e 84 di questi (98,8%) hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo di riferimento A/Wisconsin/588/2019-like, propagato in cellula, incluso nella formulazione vaccinale per la stagione 2022/2023 nell'Emisfero Nord.
- 1.220/1.220 (100%) ceppi H3N2 geneticamente caratterizzati sono risultati appartenere al *sub-clade* 3C.2a1b, in particolare al sottogruppo genetico 3C.2a1b.2a2, rappresentato dal ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021. Un sottogruppo di 179 ceppi H3N2 è stato caratterizzato dal punto di vista antigenico e 167 di questi (93,3%) hanno mostrato una buona reattività verso il ceppo vaccinale A/Darwin/6/2021-like, propagato in cellula.
- 39 sono i virus di tipo B analizzati, tutti appartenenti al lineaggio Victoria.

Trentacinque dei suddetti ceppi Victoria (89,7%) sono risultati filogeneticamente appartenenti al *clade* V1A, in particolare al *sub-clade* V1A.3a.2, a cui appartiene il ceppo vaccinale B/Austria/1359417/2021, mentre 4 al *sub-clade* V1A.3. Dal punto di vista antigenico, 12 virus B/Victoria sono stati finora analizzati e sono risultati correlati al suddetto ceppo vaccinale.

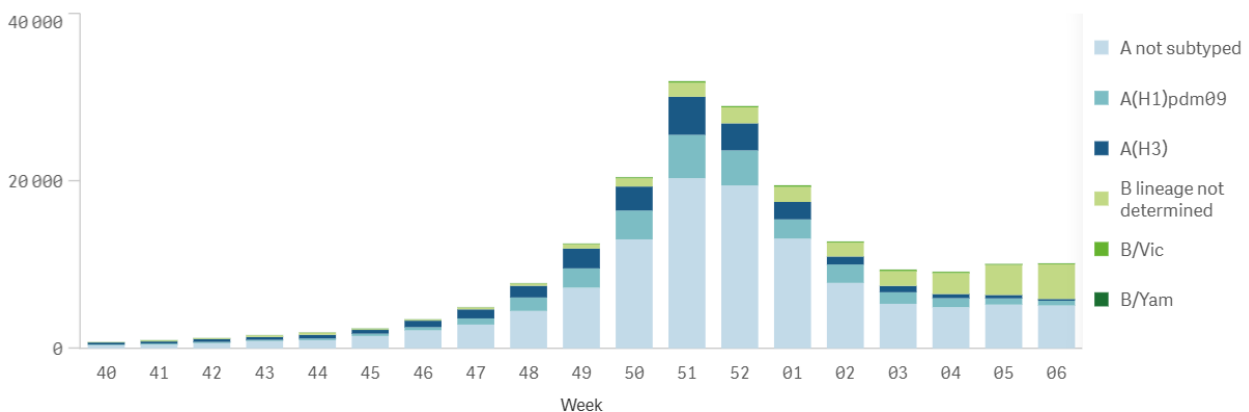
Per ulteriori informazioni relativo al quadro complessivo statunitense, si rimanda al report settimanale del [CDC](#).

EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra ancora livelli sostenuti di attività dei virus influenzali in almeno 23 paesi membri, sebbene risulti in progressiva diminuzione nelle ultime settimane. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 6^a settimana di sorveglianza del 2023, è stata segnalata una positività del 25% al virus influenzale, stabile rispetto alla settimana precedente e ancora al di sopra della soglia epidemica del 10%. Nella 6^a settimana del 2023, vengono riportati i dati relativi a **10.149** identificazioni virali. In particolare:

- 5.899 (58%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 779 virus sottotipizzati, 571 (73%) sono risultati A(H1)pdm09 e 208 (27%) A(H3).
- 4.250 (42%) virus sono risultati appartenere al tipo B; tutti i 102 ceppi per i quali è stato caratterizzato il lineaggio sono risultati B/Victoria.

Identificazioni di virus influenzali per tipo/sottotipo/lineaggio e settimana, WHO Europe, stag. 2022/23



Identificazioni di virus influenzali in campioni raccolti da fonti non-sentinella in Europa (WHO Europe)

Virus tipo/sottotipo	Settimana 06-2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Settimana 06-2023 % di virus influenzali identificati	Stagione 2022/2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Stagione 2022/2023 % di virus influenzali identificati
Totale identificazioni (testati)	10.149 (66.832)	15%	189.688 (1.418.060)	13%
Influenza A	5.899	58%	166.211	88%
A non sottotipizzati	5.120	87%	115.824	70%
A(H1)pdm09	571	10%	27.145	16%
A(H3)	208	4%	23.242	14%
Influenza B	4.250	42%	23.477	12%
B lineaggio non determinato	4.148	98%	21.898	93%
B/Victoria	102	2%	1.579	7%
B/Yamagata	0	0%	0	0%

Come evidenziato in tabella, dall'inizio della stagione 189.688 campioni clinici, su un totale di 1.418.060 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, 166.211 (88%) appartenevano al tipo A e 23.477 (12%) al tipo B. Tra i 50.387 ceppi A sottotipizzati, 27.145 (54%) sono risultati H1N1pdm09 e 23.242 (46%) H3N2. Nell'ambito dei 1.579 virus B caratterizzati, il 100% è risultato appartenere al lineaggio Victoria.

Per quanto riguarda la sorveglianza sentinella, nella settimana 06/2023, 927 (25%) di 3.645 campioni clinici raccolti sono risultati positivi per influenza, il 51% di tipo A e il 49% di tipo B. Tra i 287 virus A sottotipizzati, il 71% apparteneva al sottotipo H1pdm09 e il 29% al sottotipo H3. Tutti i 100 virus B caratterizzati sono risultati appartenere al lineaggio Victoria. Dall'inizio della stagione (settimane 40/2022-06/2023), 18.830 (23%) di 80.458 campioni analizzati sono risultati positivi, 16.431 di tipo A (87%) e 2.399 di tipo B (13%). Tra i 13.507 virus A sottotipizzati, 9.480 (70%) erano H3 e 4.027 (30%) H1pdm09. Tutti i 690 virus B caratterizzati appartenevano al lineaggio Victoria e uno al lineaggio Yamagata.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2022, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 3.855 ceppi virali:

- 1.634/1.718 (95%) virus di **tipo A**, sottotipo **H3N2** sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b.2a.2, di cui 1.044 (64%) rappresentati dal ceppo A/Bangladesh/4005/2020, 494 (30%) dal ceppo A/Slovenia/8720/2022 e 96 (6%) dal ceppo A/Darwin/9/2021. Tre ceppi appartenevano al sottogruppo 3C.2a1b.1a, rappresentati dal ceppo A/Denmark/3264/2019. Per 81 (5%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 867/1.725 (50%) virus di **tipo A**, sottotipo **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2, di cui 482 (55%) erano rappresentati dal ceppo A/Norway/25089/2022, 352 (40%) dal ceppo A/Sydney/5/2021 e 33 (4%) dal ceppo A/Victoria/2570/2019. Quattro virus sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.1, rappresentato dal ceppo A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019, mentre per 854 (50%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 227/412 (55%) virus **B/Victoria** caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo B/Austria/1359417/2021, mentre per altri 185 (45%) non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.

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

L'elaborazione dei dati e la realizzazione del presente rapporto sono a cura della dott.ssa Simona Puzelli e del gruppo di lavoro del NIC/ISS (M. Facchini, G. Di Mario, A. Di Martino, C. Fabiani, L. Calzoletti).