



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



Rapporto N. 15 del 3 marzo 2023

Dati relativi alla SETTIMANA 08/2023

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 08/2023 (20 - 26 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).



In evidenza

- Durante la settimana 08/2023 si registra un ulteriore aumento nella proporzione dei campioni risultati positivi per influenza (18,6%) rispetto alla settimana precedente (13,6%), in associazione ad un recente incremento nella circolazione, in particolare, dei virus di tipo B.
- Nel complesso, dall'inizio della stagione, 5.239 campioni clinici sono risultati positivi al virus influenzale. Di questi, 4.761 sono risultati di tipo A (91%) e 478 di tipo B (9%). Nell'ambito dei virus A, il sottotipo H3N2 è risultato finora predominante.
- In questo report viene inclusa una sintesi del comunicato relativo alle raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2023/2024 (emisfero Nord) (pag.12).

ITALIA

Durante la settimana 08/2023 sono stati segnalati, attraverso il portale Influnet, **1.000** campioni clinici ricevuti dai diversi laboratori afferenti alla rete Influnet e, tra i **945** analizzati, **176 (18,6%)** sono risultati **positivi al virus influenzale**. In particolare, 52 sono risultati di tipo **A** (10 di sottotipo **H3N2**, 34 **H1N1pdm09** e 8 non ancora sottotipizzati) e 124 di tipo **B**.

Nell'ambito dei suddetti campioni analizzati, 36 (**3,8%**) sono risultati positivi per **SARS-CoV-2**, mentre 198 sono risultati positivi per altri virus respiratori, in particolare: 67 (7%) Rhinovirus, 47 (4,9%) RSV, 38 (4%) Metapneumovirus, 29 Adenovirus, 12 virus Parainfluenzali e 5 Coronavirus umani diversi da SARS-CoV-2.

Nel complesso, dall'inizio della stagione fino alla settimana 08/2023, su un totale di 20.833 campioni clinici raccolti dai diversi laboratori, **5.239 (25,1%)** sono risultati positivi al virus influenzale, di cui 4.761 di **tipo A (90,9%)** e 478 di **tipo B (9,1%)**. Nell'ambito dei virus A, 3.908 sono risultati H3N2 (82%) e 528 H1N1pdm09 (11%), mentre 325 non sono stati ancora sottotipizzati.

Tra i suddetti campioni finora analizzati, 1.480 (7,1%) sono risultati positivi al **SARS-CoV-2** e 4.733 (22,7%) ad altri virus respiratori, per la maggior parte **RSV** (14,6%).

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 8^a settimana del 2023. In Tabella 2 vengono riassunti i dati virologici finora ottenuti (sett. 46/2022-08/2023). 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 8^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
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 46/2022)

	46	47	48	49	50	51	52	01	02	03	04	05	06	07	08	TOT
FLU A	285	441	710	729	647	603	429	299	163	152	82	56	55	58	52	4.761
A	12	14	40	47	27	56	37	23	21	17	9	4	6	4	8	325
A(H3N2)	259	421	640	647	587	506	338	236	91	90	40	22	14	7	10	3.908
A(H1N1)pdm2009	14	6	30	35	33	41	54	40	51	45	33	30	35	47	34	528
FLU B	2	1	1	9	12	8	12	17	19	43	41	47	60	82	124	478
TOT POSITIVI	287	442	711	738	659	611	441	316	182	195	123	103	115	140	176	5.239*

*Su un totale di 20.833 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

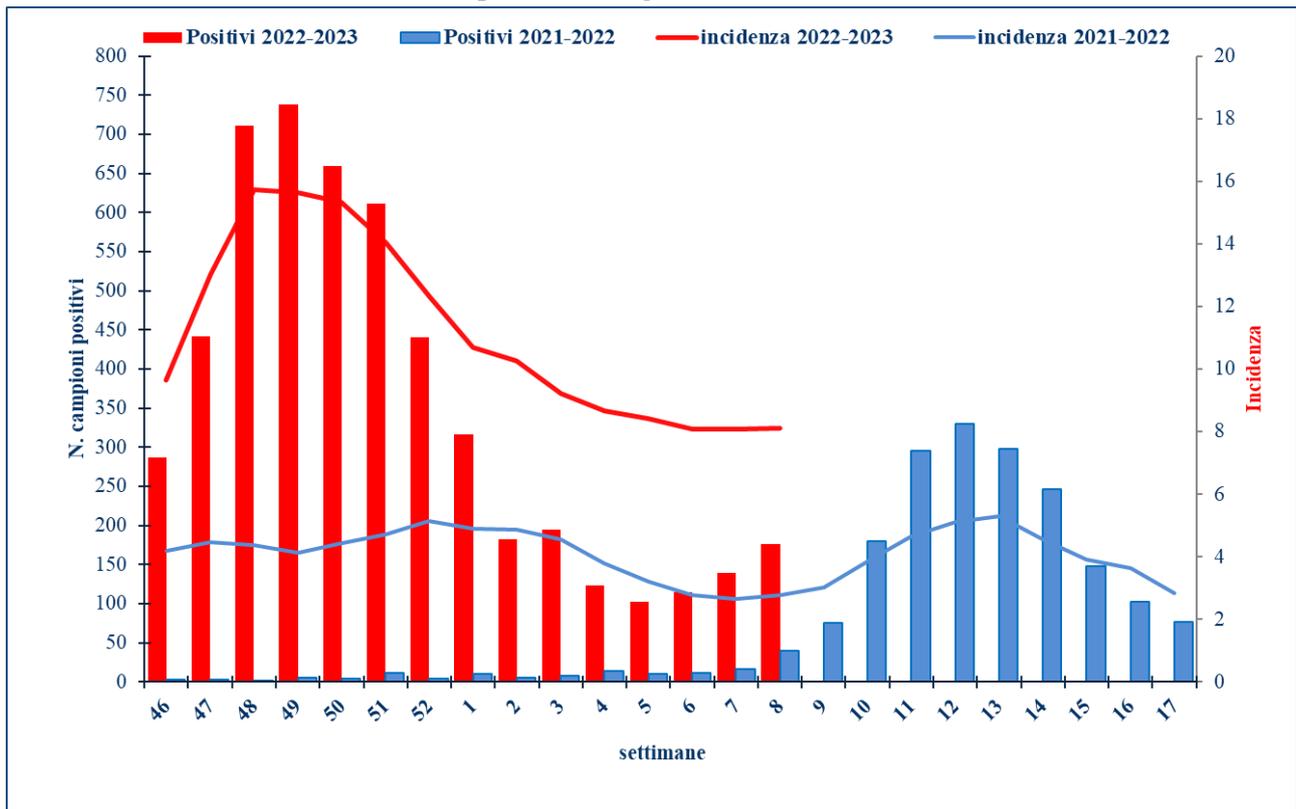


Figura 3 Andamento settimanale dei campioni positivi per tipo/sottotipo (stagione 2022/2023)

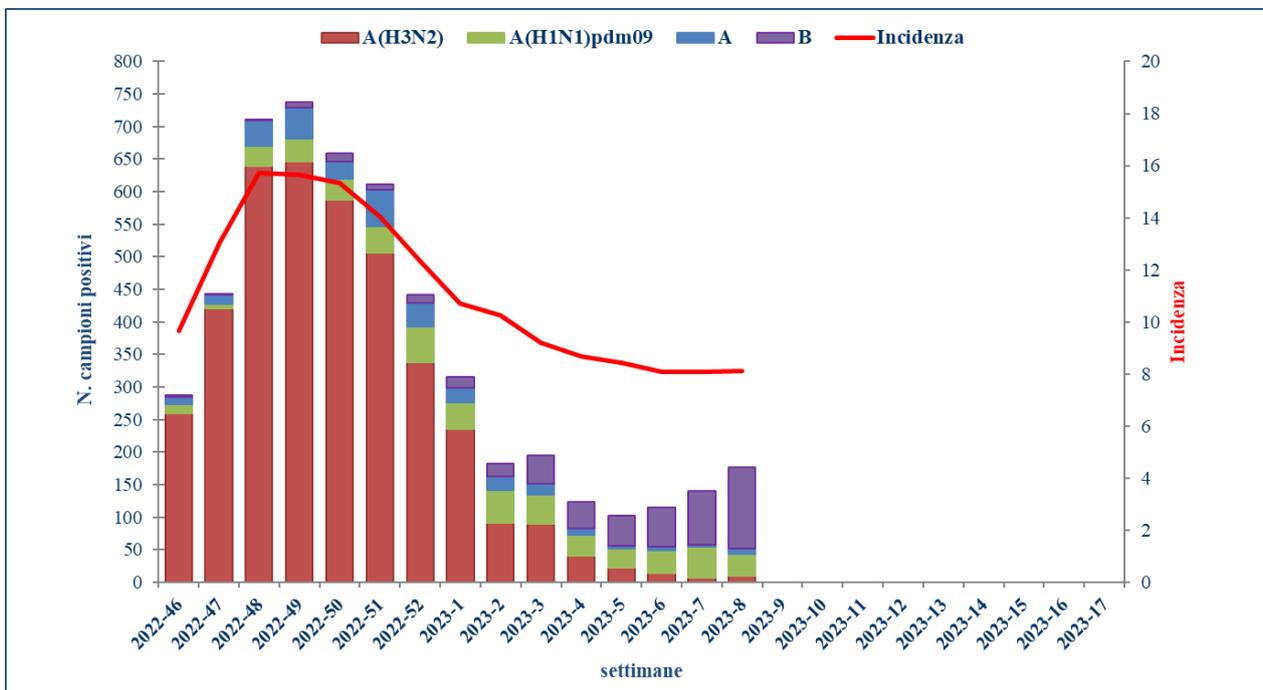
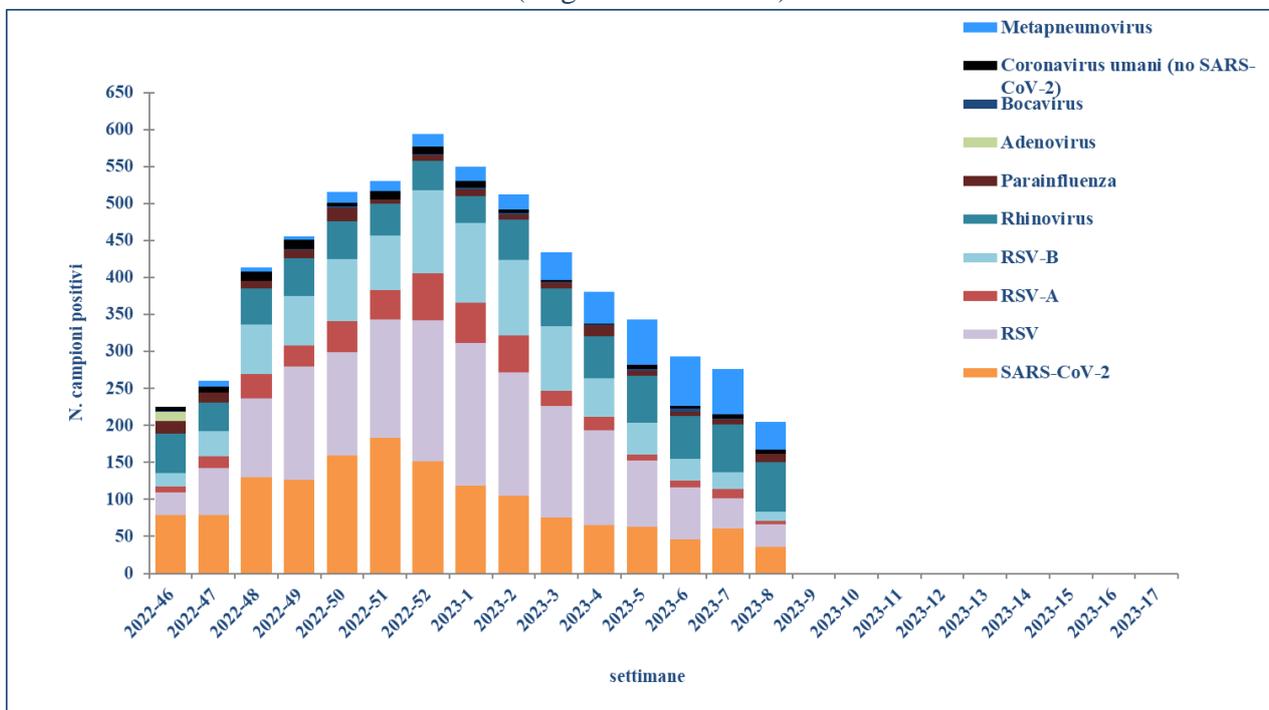


Figura 4 Andamento settimanale dei campioni risultati positivi ad altri virus respiratori (stagione 2022/2023)

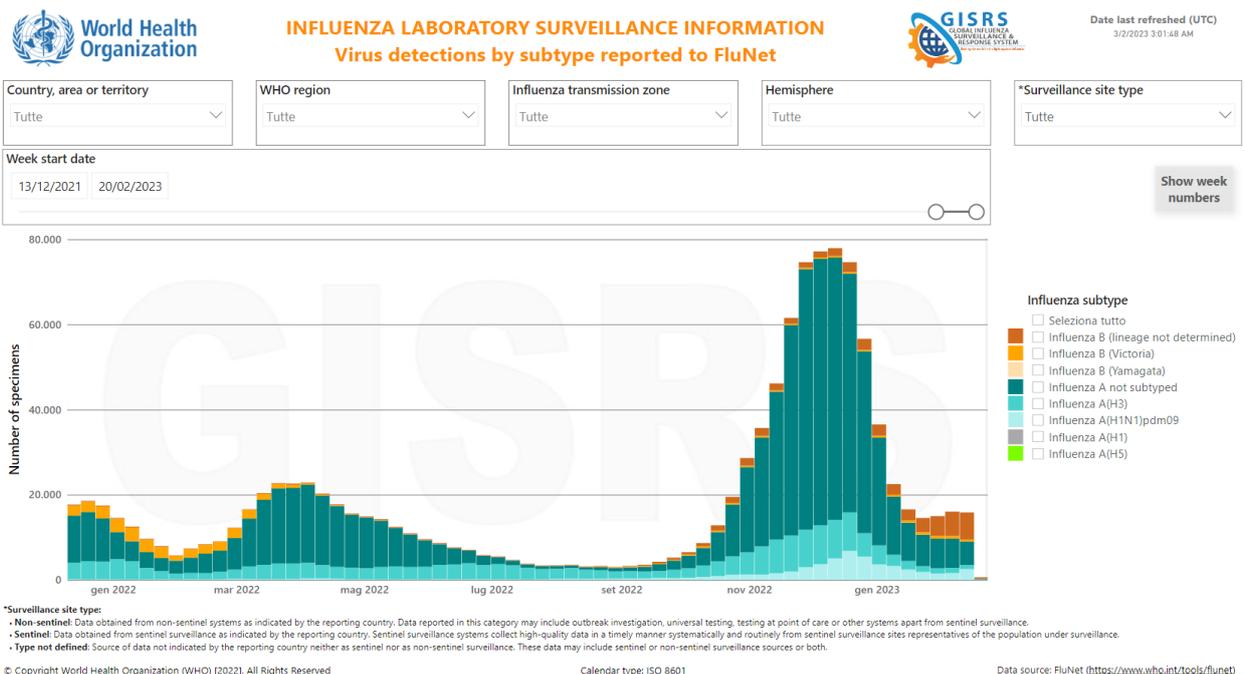


SITUAZIONE INTERNAZIONALE

Globalmente, la circolazione dei virus influenzali ha mostrato un andamento decrescente dopo un picco di campioni positivi registrato a dicembre 2022, sebbene risulti più stabile nelle ultime settimane, in concomitanza con un recente aumento della proporzione di identificazioni di virus di tipo B. I virus di tipo A rimangono nel complesso predominanti, con un recente incremento nella circolazione del sottotipo H1N1pdm09.

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 8^a settimana di sorveglianza del 2023.



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 55% viene attribuita ai virus A(H3N2) e il 45% ai ceppi A(H1N1)pdm09.

In particolare, nella settimana 07/2023, sono stati testati **6.020** 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. Degli **83** campioni risultati positivi al virus influenzale, 72 (86,7%) appartengono al tipo A; il sottotipo H3N2 risulta leggermente prevalente (55%) rispetto al sottotipo H1N1pdm09 (45%). Undici virus B sono stati identificati questa settimana (13,3%), 6 dei quali sono stati caratterizzati come B/Victoria-lineage.

	Week 7	Data Cumulative since October 2, 2022 (Week 40)
No. of specimens tested	6,020	179,489
No. of positive specimens	83	27,439
<i>Positive specimens by type/subtype</i>		
Influenza A	72 (86.7%)	27,255 (99.3%)
(H1N1)pdm09	24 (45.3%)	5,697 (25.2%)
H3N2	29 (54.7%)	16,899 (74.8%)
H3N2v	0	1 (<0.1%)
Subtyping not performed	19	4,658
Influenza B	11 (13.3%)	184 (0.7%)
Yamagata lineage	0	0
Victoria lineage	6 (100%)	137 (100%)
Lineage not performed	5	47

Il CDC riporta che nell'ambito dei 2.001 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.
- 1.258/1.258 (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](#).

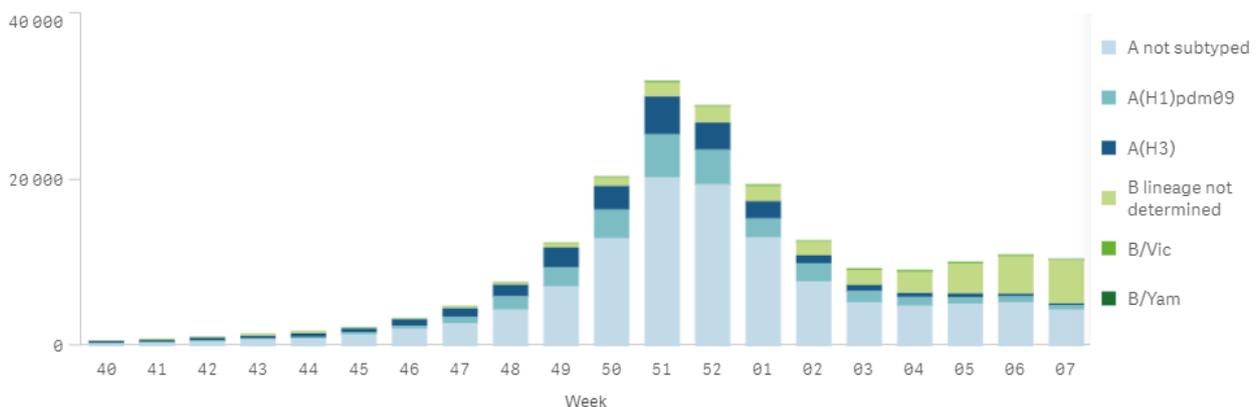
EUROPA

L'ECDC (TESSy) registra ancora livelli sostenuti di attività dei virus influenzali in almeno 18 paesi membri. Sui campioni raccolti dai medici sentinella nella 7^a settimana di sorveglianza del 2023, è stata segnalata una positività del 30% al virus influenzale, in leggero aumento rispetto alla settimana precedente (27%) e ancora al di sopra della soglia epidemica del 10%.

Nella 7^a settimana del 2023, vengono riportati i dati relativi a **10.553** identificazioni virali. In particolare:

- 5.208 (49%) virus sono risultati appartenere al tipo A; dei 754 virus sottotipizzati, 564 (75%) sono risultati A(H1)pdm09 e 190 (25%) A(H3).
- 5.345 (51%) virus sono risultati appartenere al tipo B; tutti i 126 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 07-2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Settimana 07-2023 % di virus influenzali identificati	Stagione 2022/2023 N. identificazioni virus influenzali (totale campioni testati)	Stagione 2022/2023 % di virus influenzali identificati
Totale identificazioni (testati)	10.553 (66.749)	16%	201.317 (1.491.166)	14%
Influenza A	5.208	49%	171.932	85%
A non sottotipizzati	4.454	86%	120.392	70%
A(H1)pdm09	564	11%	27.921	16%
A(H3)	190	4%	23.619	14%
Influenza B	5.345	51%	29.385	15%
B lineaggio non determinato	5.219	98%	27.445	93%
B/Victoria	126	2%	1.940	7%
B/Yamagata	0	0%	0	0%

Come evidenziato in tabella, dall'inizio della stagione 201.317 campioni clinici, su un totale di 1.491.166 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, 171.932 (85%) appartenevano al tipo A e 29.385 (15%) al tipo B. Tra i 51.540 ceppi A sottotipizzati, 27.921 (54%) sono risultati H1N1pdm09 e 23.619 (46%) H3N2. Nell'ambito dei 1.940 virus B caratterizzati, il 100% è risultato appartenere al lineaggio Victoria.

Per quanto riguarda la sorveglianza sentinella, nella settimana 07/2023, 957 (30%) di 3.224 campioni clinici raccolti sono risultati positivi per influenza, il 45% di tipo A e il 55% di tipo B. Tra i 313 virus A sottotipizzati, l'80% apparteneva al sottotipo H1pdm09 e il 20% al sottotipo H3. Tutti i 128 virus B caratterizzati sono risultati appartenere al lineaggio Victoria. Dall'inizio della stagione (settimane 40/2022-07/2023), 20.135 (24%) di 85.145 campioni analizzati sono risultati positivi, 17.109 di tipo A (85%) e 3.026 di tipo B (15%). Tra i 14.009 virus A sottotipizzati, 9.613 (69%) erano H3 e 4.396 (31%) H1pdm09. Tutti gli 884 virus B caratterizzati appartenevano al lineaggio Victoria.

Sui campioni (sentinella e non-sentinella) raccolti a partire dalla settimana 40/2022, sono stati finora caratterizzati **geneticamente** 3.898 ceppi virali:

- 1.658/1.744 (95%) virus di **tipo A**, sottotipo **H3N2** sono risultati appartenere al sottogruppo 3C.2a1b.2a.2, di cui 1.052 (63%) rappresentati dal ceppo A/Bangladesh/4005/2020, 492 (30%) dal ceppo A/Slovenia/8720/2022 e 114 (7%) dal ceppo A/Darwin/9/2021. Tre ceppi appartenevano al sottogruppo 3C.2a1b.1a, rappresentati dal ceppo A/Denmark/3264/2019. Per 83 (5%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 854/1.730 (49%) virus di **tipo A**, sottotipo **H1N1pdm09** analizzati sono risultati appartenere al sottogruppo 6B.1A.5a.2, di cui 491 (57%) erano rappresentati dal ceppo A/Norway/25089/2022, 330 (38%) 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 872 (50%) virus non è stato ancora attribuito un sottogruppo specifico.
- 220/424 (52%) virus **B/Victoria** caratterizzati sono risultati appartenere al *clade* V1A.3a.2, rappresentato dal ceppo B/Austria/1359417/2021, mentre per altri 204 (48%) 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/).

Il 24 febbraio 2023 sono state emanate le [raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2023/2024 \(emisfero Nord\)](#), secondo le quali si prevede l'inclusione dei seguenti ceppi nei **vaccini quadrivalenti**:

Vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo:

- **A/Victoria/4897/2022** (H1N1)pdm09-like virus
- A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus
- B/Austria/1359417/2021 virus (lineaggio B/Victoria)
- B/Phuket/3073/2013 virus (lineaggio B/Yamagata)

Vaccini ottenuti su colture cellulari o vaccini ricombinanti:

- **A/Wisconsin/67/2022** (H1N1)pdm09-like virus
- A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus
- B/Austria/1359417/2021 virus (lineaggio B/Victoria)
- B/Phuket/3073/2013 virus (lineaggio B/Yamagata)

Nel caso dei **vaccini trivalenti**, l'OMS raccomanda l'inserimento del ceppo B/Austria/1359417/2021-like (lineaggio B/Victoria), in aggiunta ai due ceppi di tipo A sopramenzionati.

Il nuovo vaccino conterrà, dunque, **nuove varianti antigeniche di tipo A**, sottotipo **H1N1pdm09**, (A/Victoria/4897/2022 e A/Wisconsin/67/2022), che sostituiranno i ceppi A/Victoria/2570/2019 e A/Wisconsin/588/2019, rispettivamente nei vaccini ottenuti in uova embrionate di pollo ed in quelli ottenuti su colture cellulari.

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).