

Influenza Surveillance:

Résumé saison 2015-2016
Overzicht seizoen 2015-2016
Overview season 2015-2016

VIRAL DISEASES

Isabelle Thomas

EPIDEMIOLOGY OF INFECTIOUS DISEASES

Nathalie Bossuyt

HEALTH SERVICES RESEARCH

Viviane Van Casteren, Yolande Pirson

Influenza surveillance in Belgium is financed by the federal public service Health, food chain safety and environment, the "Fédération Wallonie Bruxelles" and the "Vlaams Agentschap Zorg en Gezondheid".



SAISON GRIPPE 2015-2016	3
GRIEPSEIZOEN 2015-2016.....	9
INFLUENZA SEASON 2015-2016	15

© Wetenschappelijk Instituut Volksgezondheid, Brussel 2016
Verantwoordelijke uitgever: Dr. Johan Peeters
Intern referentienummer: 2016-016
Depotnummer: D/2016/2505/22

www.wiv-isp.be

Saison grippe 2015-2016

L'épidémie grippale de la saison 2015-2016 a été d'intensité modérée, elle a duré 10 semaines. En Belgique, le seuil épidémique a été franchi depuis la semaine 4 (25 – 31 janvier 2016) jusqu'à la semaine 13 (25 mars – 3 avril 2016).

L'intensité de l'épidémie était modérée. Le pic de l'épidémie a été observé durant la semaine 9-2016, avec une incidence de 734 consultations pour syndromes grippaux par 100.000 habitants. Après la semaine 9-2016, le nombre de syndromes grippaux a diminué et est passé sous le seuil après la semaine 14. (Fig.1).

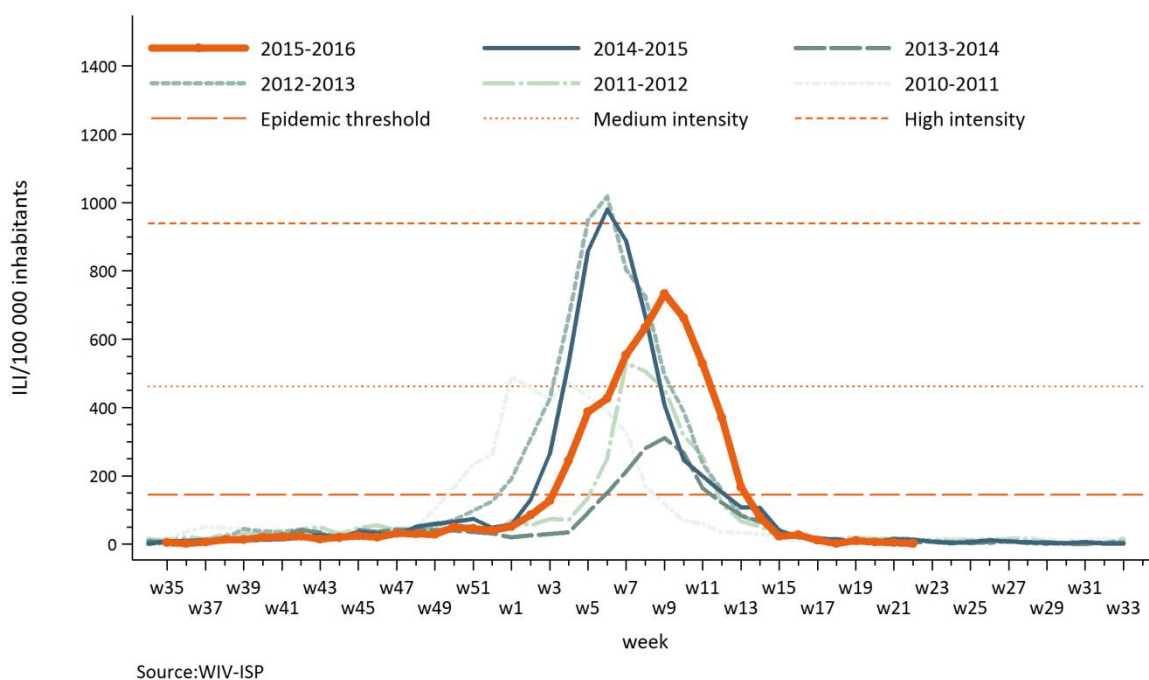


Figure 1. Incidence hebdomadaire des syndromes grippaux pour 100.000 habitants, saison 2015-2016, Belgique (Source : Médecins vigies)

Sur base de la surveillance ILI, nous avons estimé qu'environ 380.000 belges ont présenté une infection clinique à influenza cette saison, dont un tiers d'enfants (entre 0 et 14 ans). Cette fraction était plus élevée que lors des cinq saisons précédentes.

Quant à la sévérité, il n'y a pas d'indication d'augmentation de celle-ci (figure 2), excepté pour les patients à risque dans la tranche d'âge de 45-64 ans, chez lesquels une proportion plus importante d'infections sévères a été observée par rapport aux quatre dernières saisons. Contrairement à l'année passée, il n'y a pas eu de surmortalité (toutes causes confondues) pendant l'épidémie de grippe.

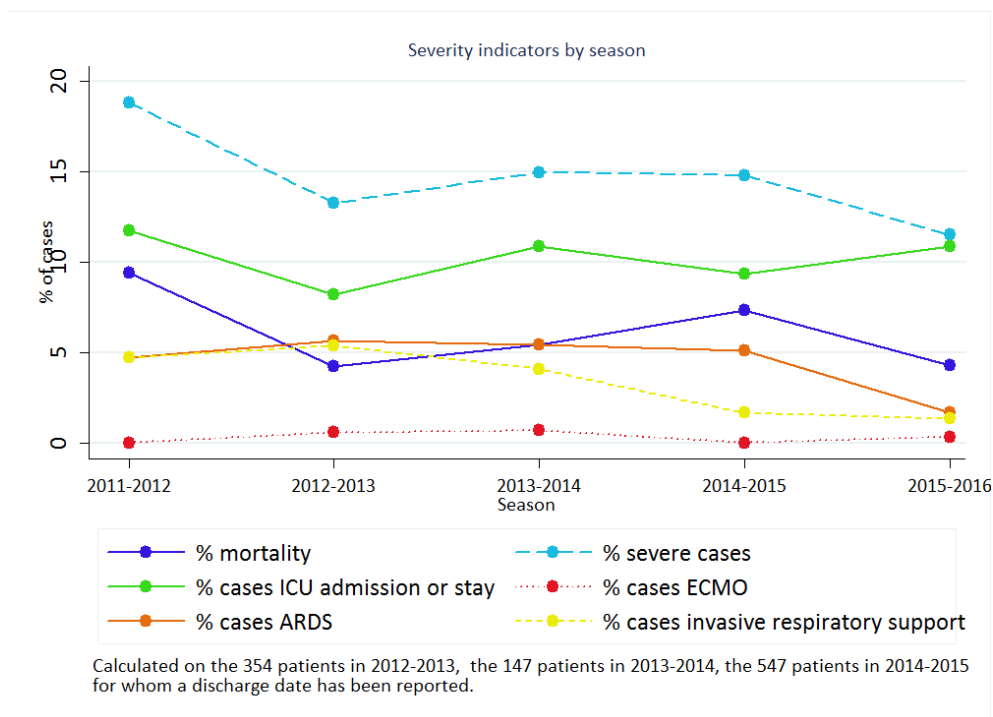


Figure 2. Evolution de la sévérité au cours des 5 dernières saisons chez les patients positifs pour l'influenza en Belgique (SARI surveillance)

Le premier échantillon positif a été diagnostiqué à la semaine 42-2015 et un nombre de plus en plus important de cas positifs d'influenza ont été détectés à partir de la semaine 53-2015 pour atteindre un pourcentage de 80% à la semaine 10-2016. Ce sont principalement les virus A(H1N1)pdm2009 et les virus B de la lignée Victoria qui ont co-circulé .

De la semaine 40-2015 à la semaine 17-2016, 738 échantillons respiratoires ont été envoyés par le réseau des médecins vigies et analysés au Centre National de la Grippe. Parmi ces échantillons 381 (52%) étaient positifs pour l'influenza avec 186 (25%) positifs pour l'influenza A et 197 (27%) positifs pour l'influenza B (Fig.3). Un échantillon était coinfecté par influenza A et B .

Parmi les échantillons influenza A sous-typés, 93% (173/186) étaient des A(H1N1)pdm2009 et 1% (2/186) des A(H3N2). 11 échantillons (7%) n'ont pas pu être sous-typés en raison de leur faible charge virale. Parmi les 197 échantillons influenza B analysés, 96% (190/197) appartenaient à la lignée Victoria et 3% (6/197) à la lignée Yamagata (Fig 3.).

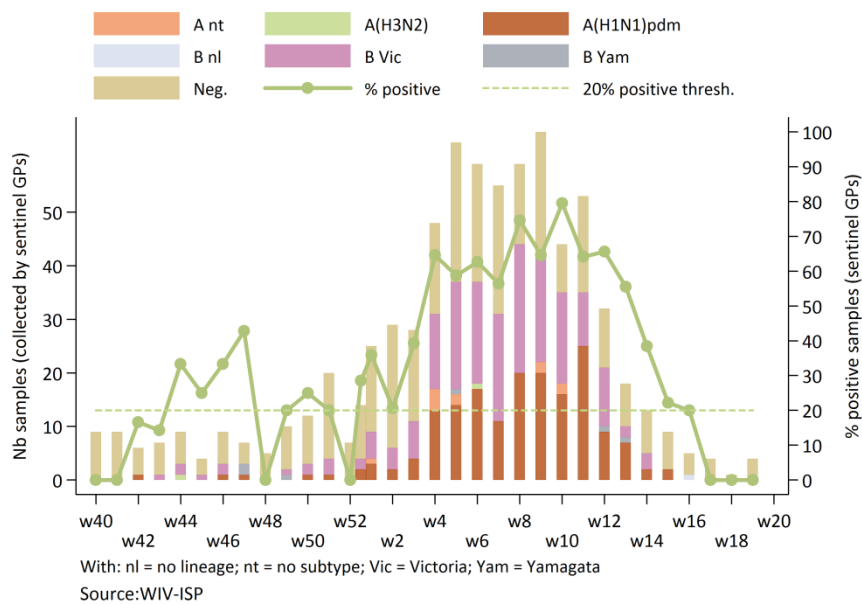


Figure 3. Détection hebdomadaire des virus influenza en Belgique de la semaine 40-2015 à la semaine 17-2016 dans le réseau des médecins vigies.

Caractérisation antigénique et génétiques des souches

A(H1N1)pdm2009

Tous les virus A(H1N1)pdm09 séquencés durant cette saison appartiennent au groupe 6B.1 représenté par la souche de référence A/South Africa/3626/2013. Ces virus sont antigéniquement homologues et proches de la souche vaccinale A/California/7/2009.

Vaccine virus
 Reference virus
 Circulating virus Belgium

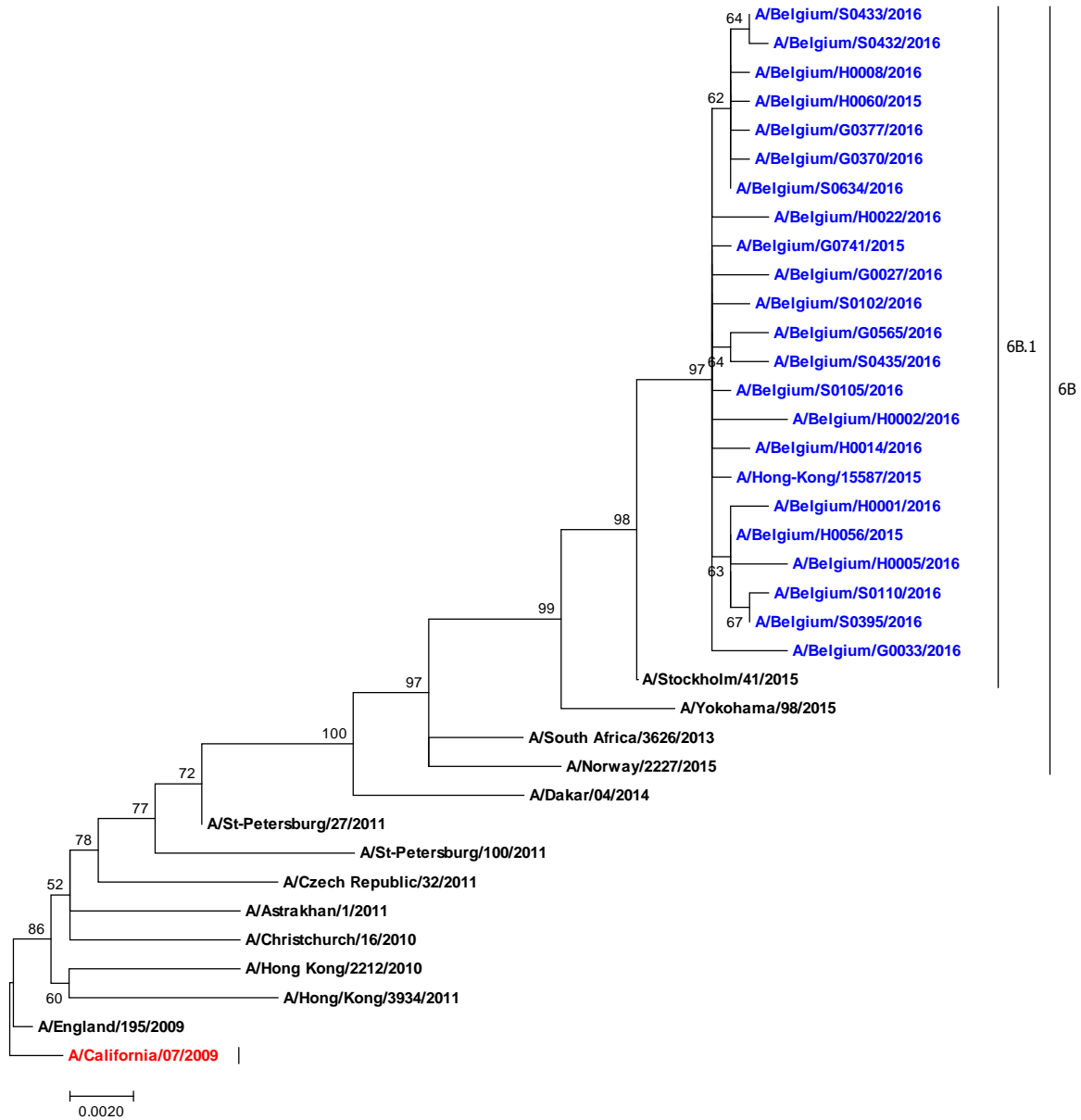


Figure 4. Analyse phylogénique des séquences HA des virus A(H1N1)pdm2009 analysées en Belgique durant la saison 2015-2016 en comparaison avec la souche vaccinale et les souches de référence.

A(H3N2)

En Belgique, très peu de virus A(H3N2) ont circulé durant la saison 2015-2016. Une souche appartenait au groupe 3C.3a proche de la souche vaccinale A/Switzerland/971593/2013 et les trois autres au group 3C.2a.

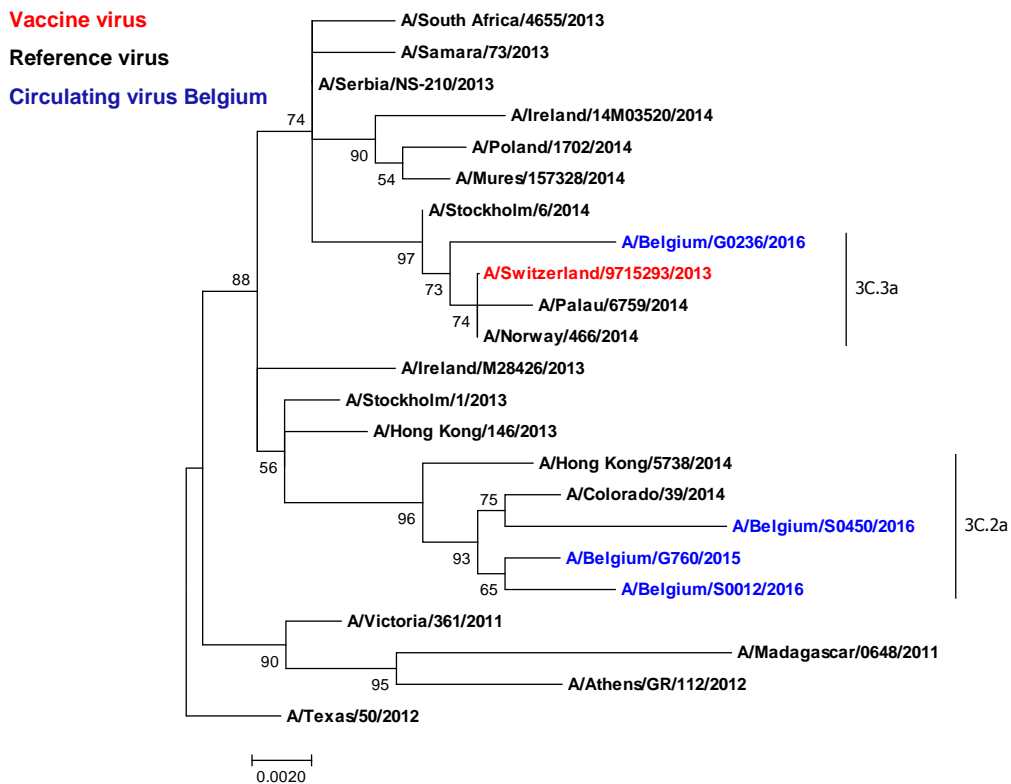


Figure 5. Analyse phylogénique des séquences HA des virus A(H3N2) analysées en Belgique durant la saison 2015-2016 en comparaison avec la souche vaccinale et les souches de référence.

B Yamagata

Très peu de virus influenza B de la lignée Yamagata ont circulé durant la saison 2015-2016. Les deux virus caractérisés génétiquement appartenaient au clade 3 représenté par la souche vaccinale B/Phuket/3073/2013 contenue dans le vaccin trivalent .

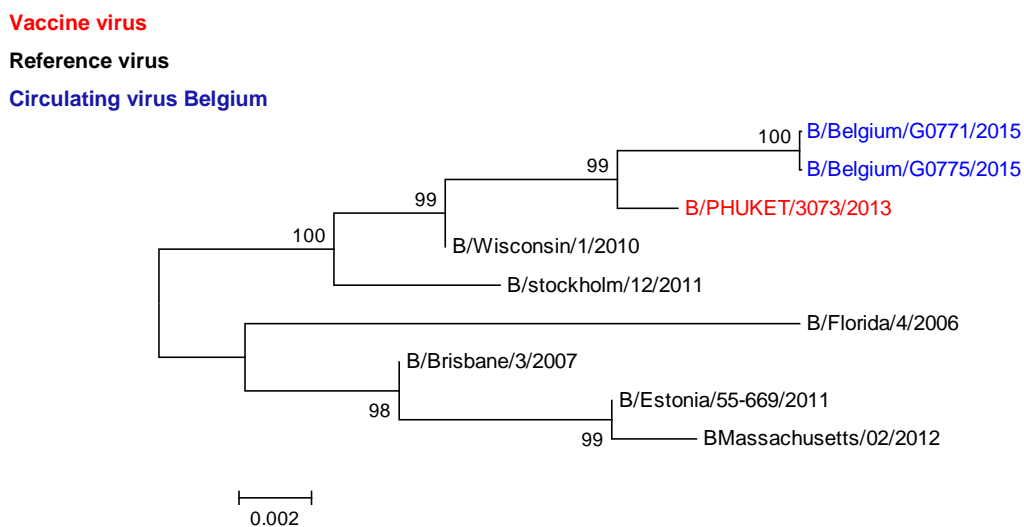


Figure 6. Analyse phylogénique des séquences HA des virus influenza B de la lignée Yamagata détectés en Belgique durant la saison 2015-2016 en comparaison avec la souche vaccinale et les souches de référence.

B Victoria

Une grande majorité des virus influenza B isolés appartenait à la lignée Victoria. Les virus séquencés durant cette saison, appartenaient au clade 1A, B/Brisbane/60/2008, clade contenue dans le vaccin quadrivalent.

Vaccine virus

Reference virus

Circulating virus Belgium

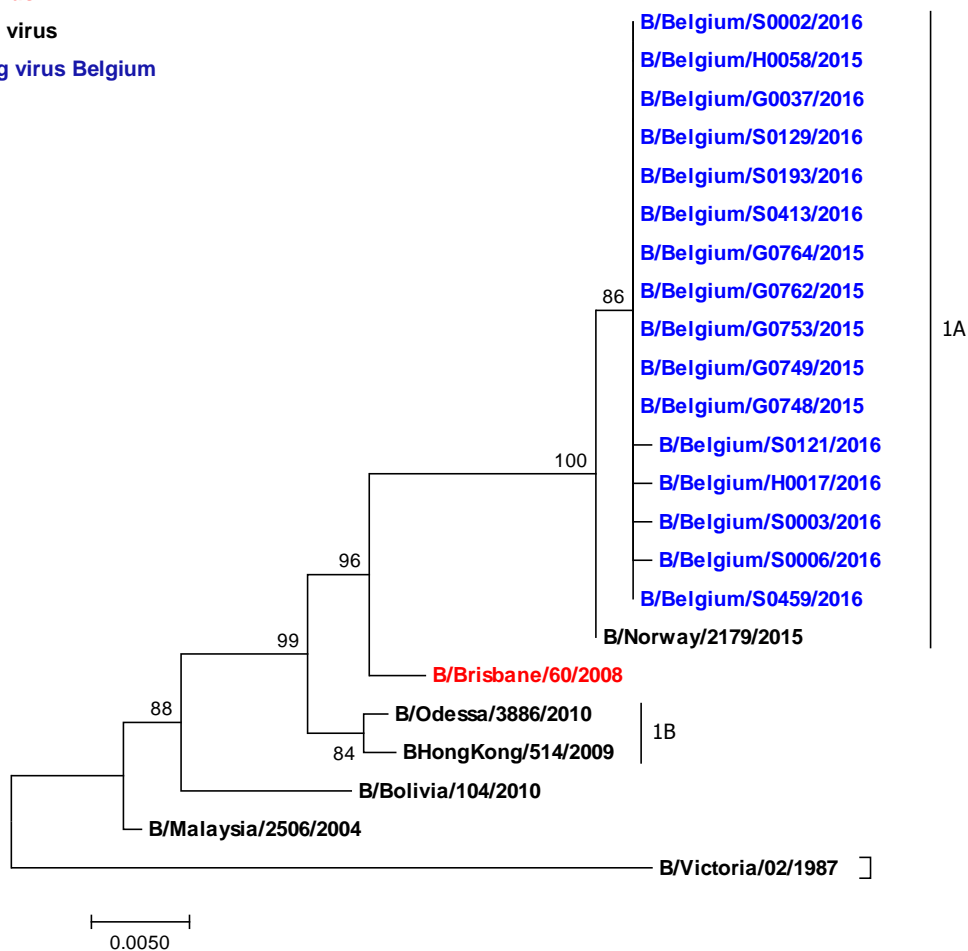


Figure 7. Analyse phylogénique des séquences HA des virus influenza B de la lignée Victoria détectés en Belgique durant la saison 2015-2016 en comparaison avec la souche vaccinale et les souches de référence.

Résistance aux antiviraux.

Toutes les souches analysées étaient sensibles aux inhibiteurs de neuraminidase Oseltamivir et Zanamivir.

L'OMS a publié sa recommandation pour la composition vaccinale à utiliser pour la saison 2016-2017 dans l'hémisphère Nord.

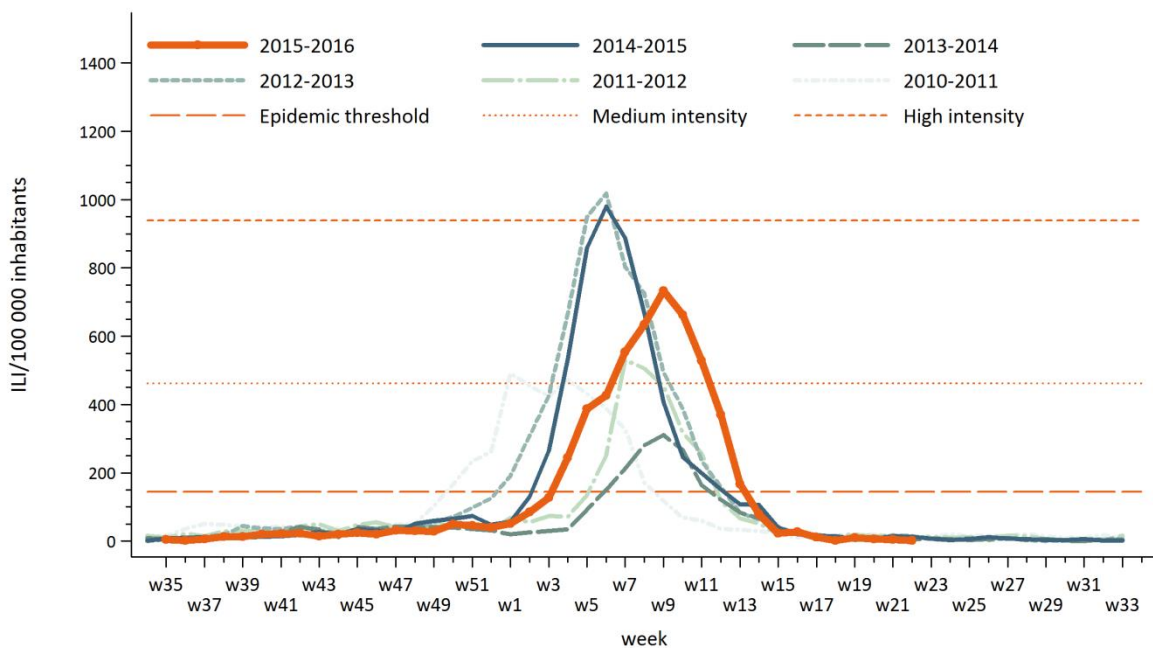
- A/California/7/2009 (H1N1)pdm09-like virus
- A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-like virus;
- B/Brisbane/60/2008-like virus.

La souche B / Phuket / 3073/2013-like virus sera incluse dans le vaccin quadrivalent

Griepseizoen 2015-2016

In de winter van 2015-2016 was de griep epidemie van een matige intensiteit en eerder lange duur (10 weken). In België werd de epidemische drempel overschreden vanaf week 4 (25 tot 31 januari 2016) tot en met week 13 (28 maart tot 3 april 2016).

De intensiteit van de epidemie was matig. De piek werd waargenomen in week 9-2016 (29 februari- 6 maart 2016) , met 734 gevallen van griepaal syndroom (ILI) per 100.000 inwoners. Vanaf week 10-2016 daalde de incidentie terug, om onder de drempelwaarde te duiken in week 14. (Fig. 1).

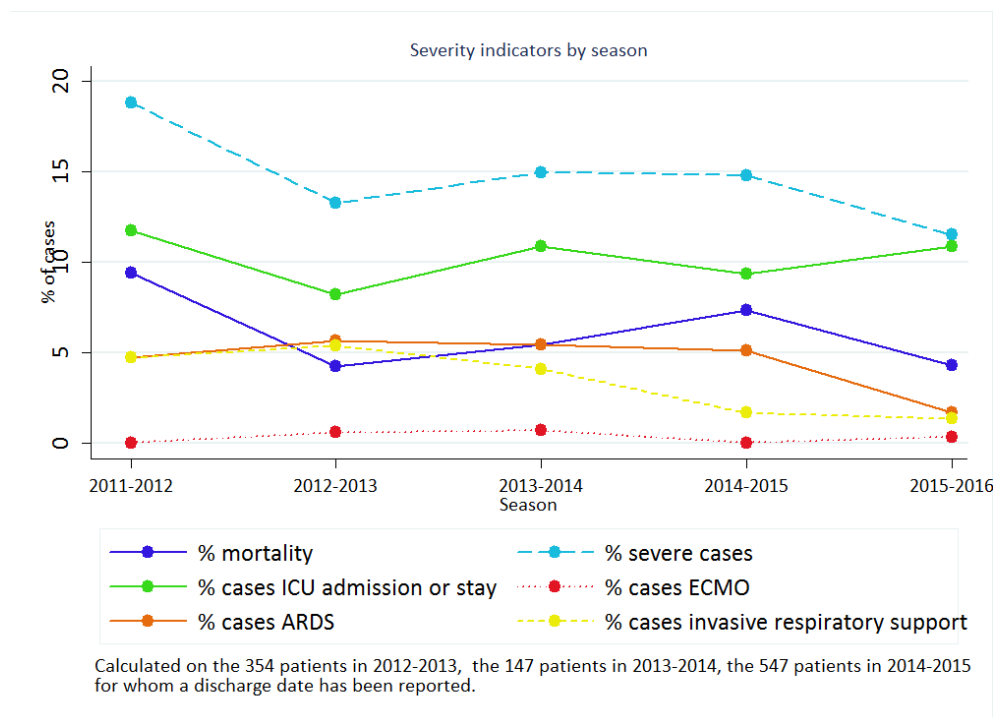


Source:WIV-ISP

Figuur 8. Wekelijkse incidentie per 100.000 inwoners van griepaal syndroom, seizoen 2015-2016, België (Bron : huisartsenpeilpraktijken)

Op basis van de surveillance van huisartsconsultaties omwille van griepaal syndroom schatten we dat ongeveer 380.000 Belgen een symptomatische infectie met het griepvirus doormaakten in het seizoen 2015-2016. Een derde van de slachtoffers betrof kinderen dit seizoen, wat een hogere fractie is dan in de vijf voorgaande jaren.

Er zijn geen aanwijzingen dat deze griep epidemie ernstiger was dan de voorgaande seizoenen (figuur 2), behalve voor de subgroep van patiënten met een verhoogd risico (omwille van bv een chronische ziekte) in de leeftijdscategorie 45-64 jaar. Bij deze laatste groep werden relatief meer ernstige infecties gezien dan in de vier voorgaande griep epidemieën. In tegenstelling tot in de winter van 2014-2015 werd tijdens deze griep epidemie geen algemene oversterfte (alle oorzaken) geobserveerd.

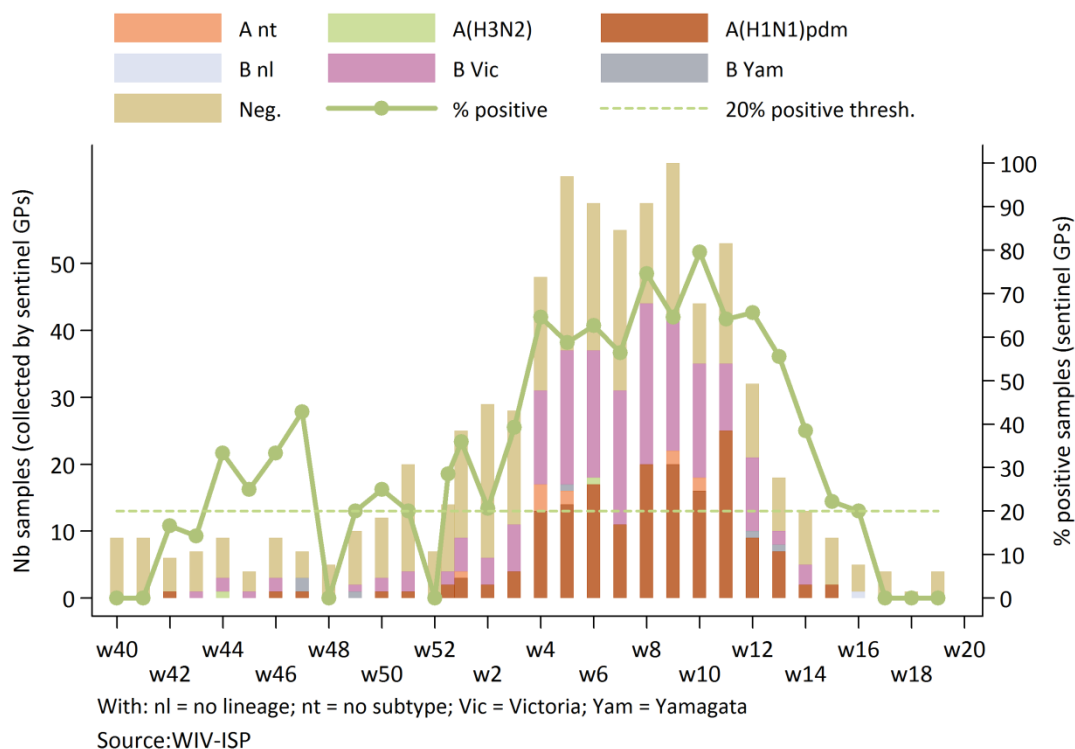


Figuur 9. Evolutie van de indicatoren van ernst bij patiënten met bevestigde influenza infectie gedurende laatste 5 griepseizoenen in België (SARI surveillance)

De eerste influenza positieve gevallen werden gedetecteerd in week 42-2015. Daarna werden vanaf week 53-2015 steeds meer influenza positieve gevallen gedetecteerd tot een percentage van virus bevestigde gevallen van 80% werd bereikt in week 10-2016. Er circuleerden vooral twee virussen, influenza A (H1N1) pdm2009 en influenza B van de Victoria lijn tijdens dit seizoen.

Van week 40-2015 tot week 17-2016, werden in totaal 738 respiratoire stalen verzameld door de huisartsen van het peilpraktijkennetwerk en getest door het Nationaal Influenza Centrum. Onder deze stalen waren er 381 (52%) positief voor influenza, waarvan 186 (25%) voor influenza A en 197 (27%) voor influenza B (figuur 3). Een staal was tegelijkertijd geïnfecteerd met het influenza A en het influenza B virus.

Onder de gesubtypeerde influenza A virussen, was 93% (173/186) van het subtype influenza A (H1N1) pdm2009 en 1% (2/186) van het A (H3N2) subtype. Onder de 197 geanalyseerde influenza B virussen behoorden 96% (190/197) tot de B/Victoria lijn en 3% (6/197) tot de B/Yamagata lijn (figuur 3).



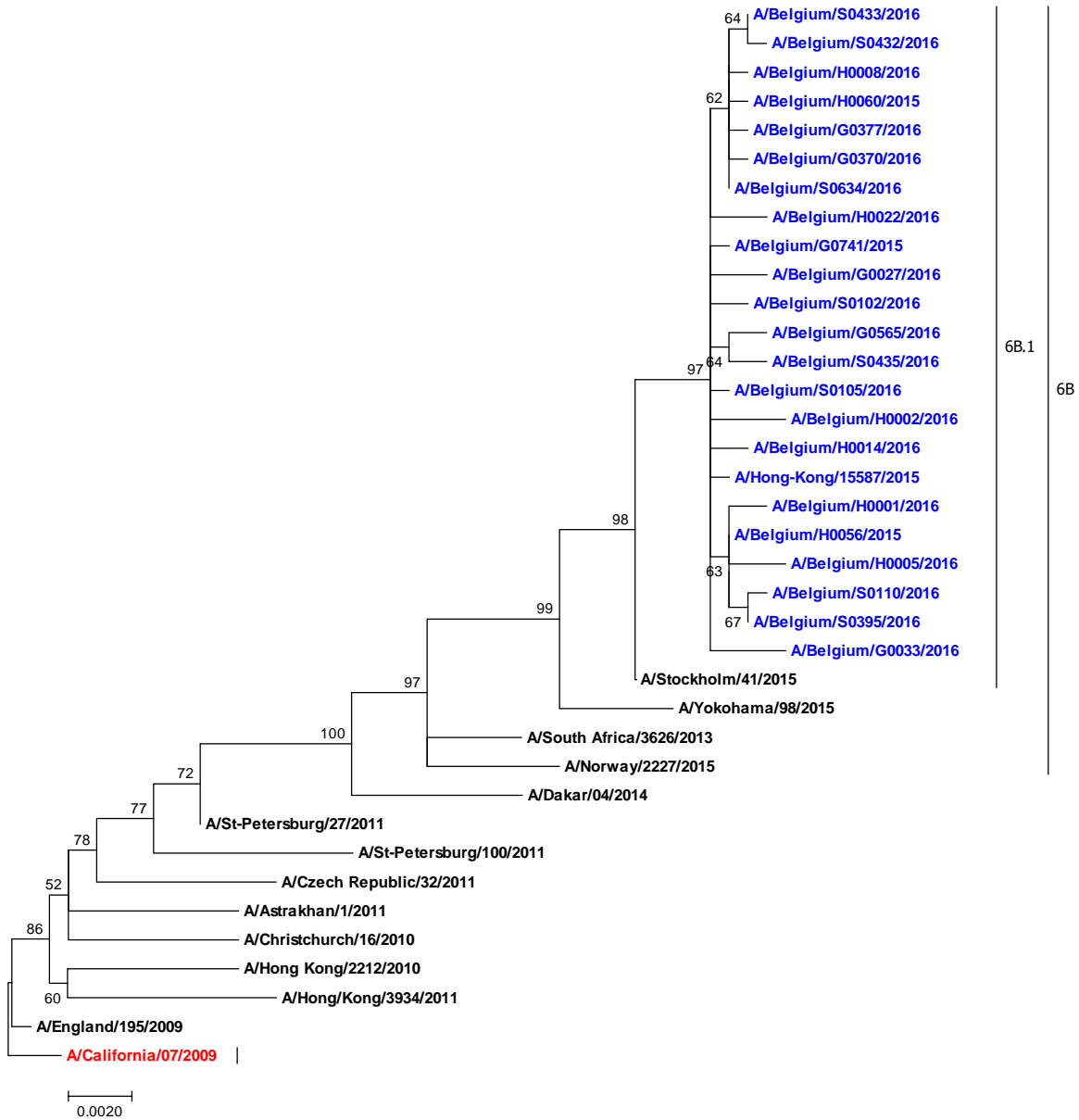
Figuur 10. Wekelijkse detectie van influenza virussen in België van week 40-2015 tot week 17-2016 in het netwerk van huisartsenpeilpraktijken

Genetische en antigene karakterisatie

A(H1N1)pdm2009

Alle gesequeneerde A(H1N1)pdm09 stammen van dit seizoen behoorden tot groep 6B.1, vertegenwoordigd door referentie virus A/south Africa/3626/2013. Deze virussen zijn antigenisch homogeen en vergelijkbaar aan de vaccinstam A/California/7/2009 (Fig.3).

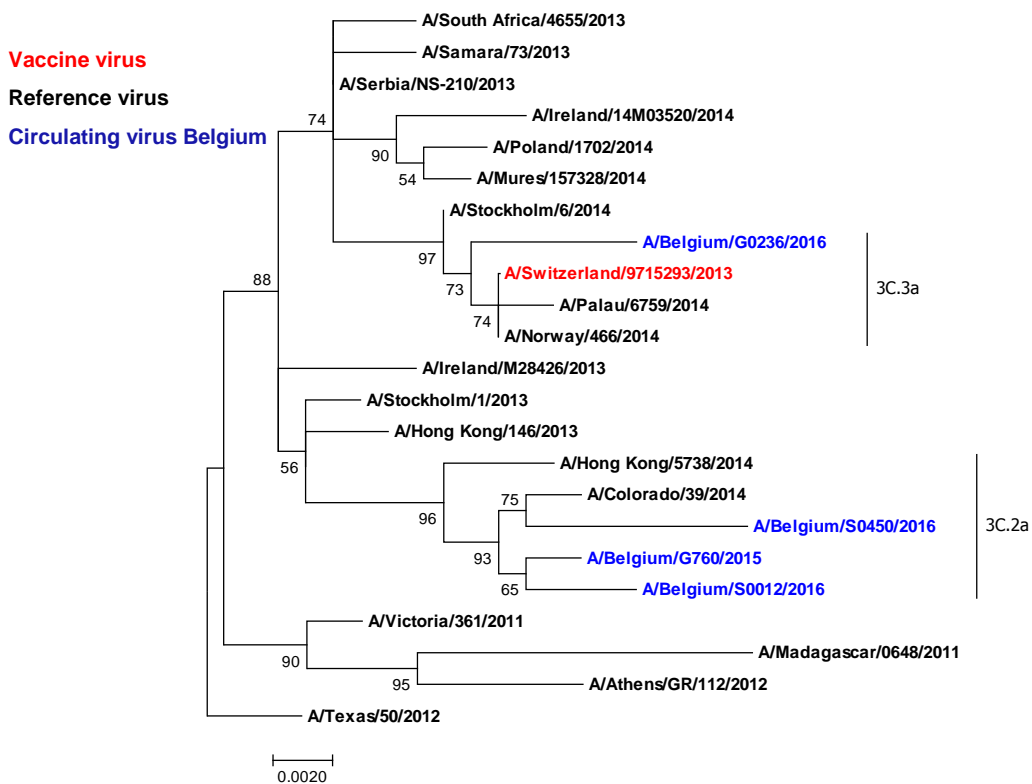
Vaccine virus
 Referencevirus
 Circulating virus Belgium



Figuur 11. Fylogenetische analyse van HA sequenties van influenza A(H1N1pdm2009) virussen gedetecteerd in België in seizoen 2015-2016 vergeleken met de vaccin stam en referentie stammen.

A(H3N2)

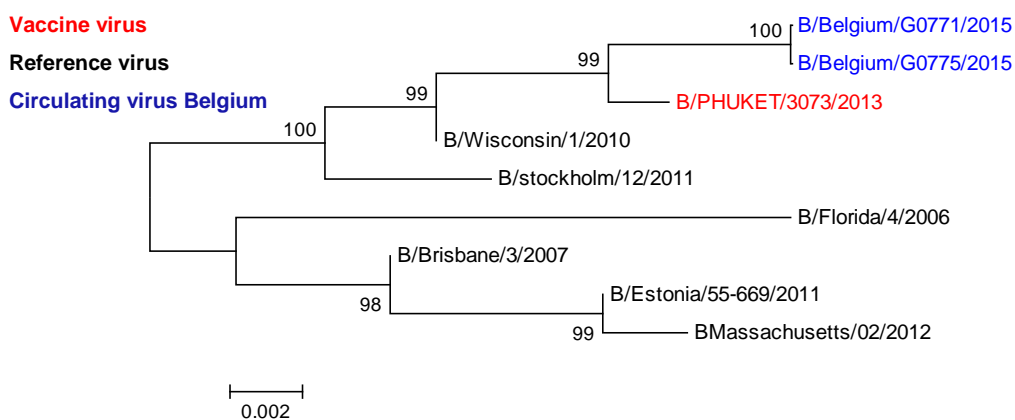
In België circuleerden in seizoen 2015-2016 slechts heel weinig influenza A (H3N2) virussen. Een stam behoorde tot de 3C.3a groep die nauw verwant is aan de vaccinstam A/Switzerland/971593/2013 en 3 andere stammen behoorden tot de groep 3C.2a.



Figuur 12. Fylogenetische analyse van HA sequenties van influenza A(H3N2) virussen gedetecteerd in België in seizoen 2015-2016 vergeleken met de vaccin stam en referentie stammen

B Yamagata

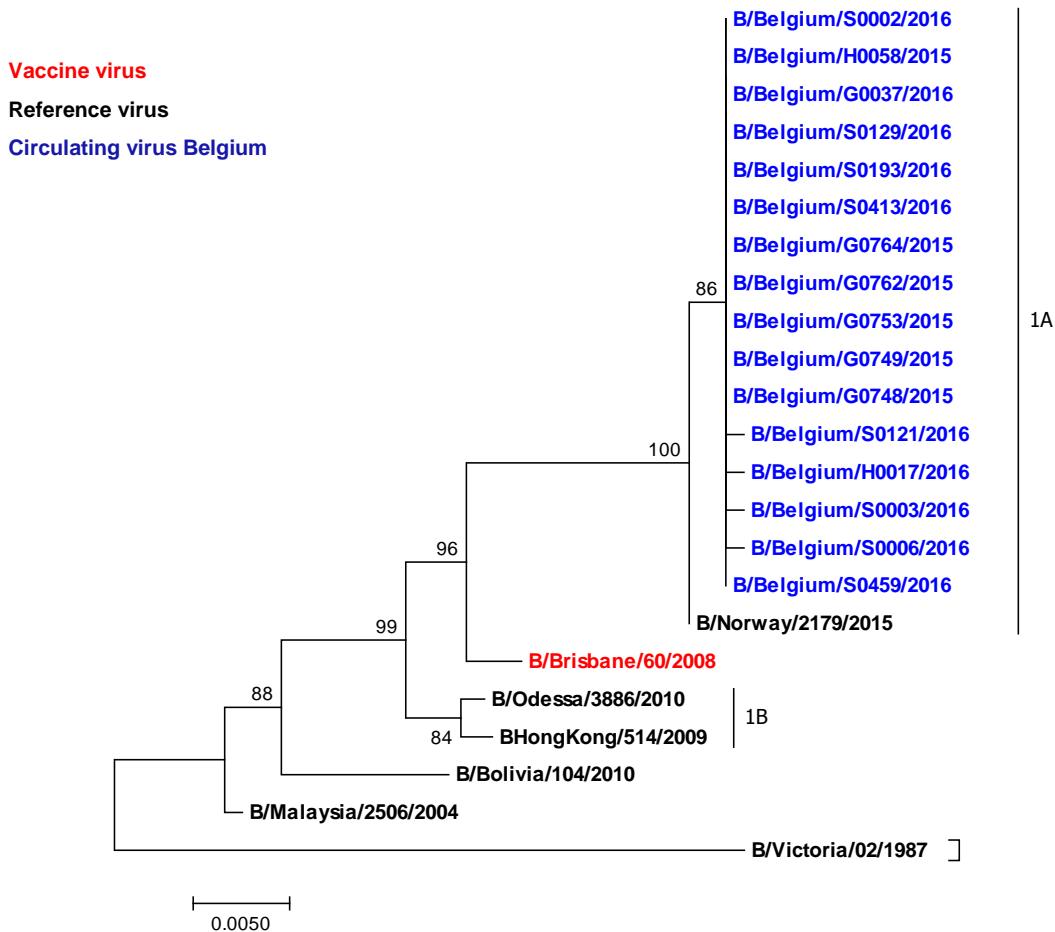
Er circuleerden zeer weinig influenza B virussen van de Yamagata lijn dit seizoen. De twee gesequeneerde virussen behoorde tot cluster 3, vertegenwoordigd door de vaccinstam B/Phuket/3073/2013. Deze stam was opgenomen in het trivalent vaccin voor seizoen 2015-2016.



Figuur 13. Fylogenetische analyse van HA sequenties van influenza B Yamagata virussen gedetecteerd in België gedurende seizoen 2015-2016, vergeleken met de vaccin stam en de referentie stammen

B Victoria

De grote meerderheid van de geïsoleerde influenza B virussen behoorden in 2015-2016 tot de Victoria lijn. De gesequeneerde virussen behoorden tot clade 1A (B/Brisbane/60/2008 clade), die opgenomen was in het quadrivalent vaccin.



Figuur 14. Fylogenetische analyse van HA sequenties van influenza B\Victoria virussen gedetecteerd in België gedurende seizoen 2015-2016, vergeleken met de vaccin stam en de referentie stammen

Antivirale resistentie

Alle geanalyseerde stammen waren gevoelig voor de neuraminidase remmers Oseltamivir en Zanamivir.

De WGO publiceerde haar aanbeveling voor de samenstelling van het volgende influenza vaccin voor het seizoen 2015-2016 in het noordelijk halfrond.

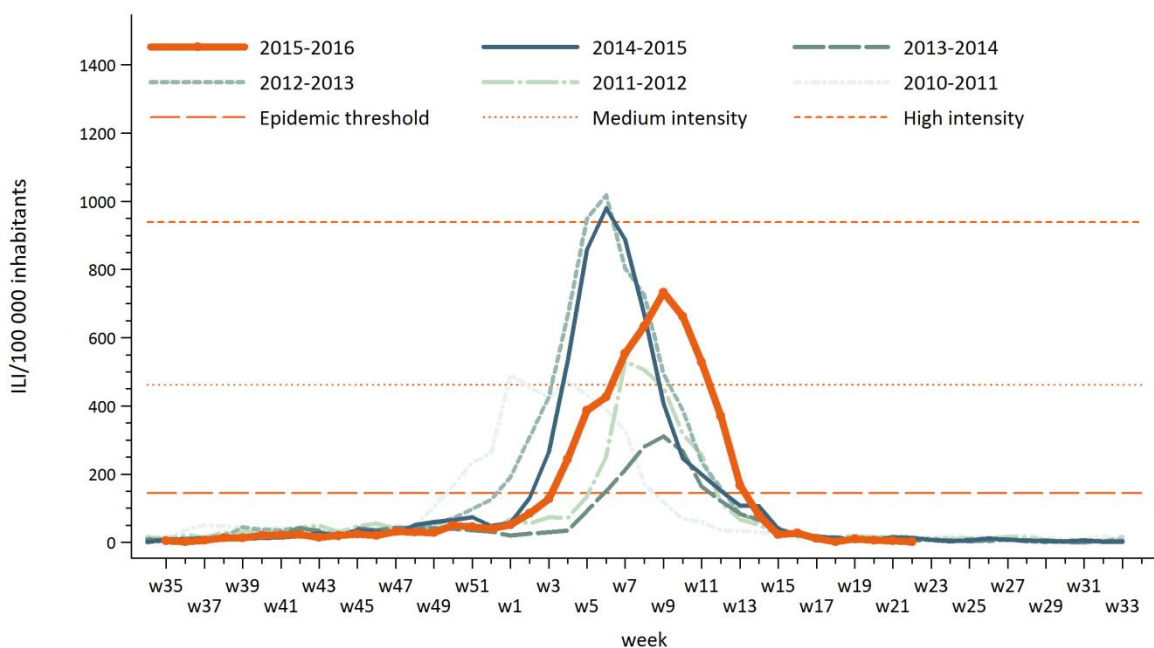
- A/California/7/2009 (H1N1)pdm09-like virus
- A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-like virus;
- B/Brisbane/60/2008-like

Voor het quadrivalente vaccin wordt een B/Phuket/3073/2013-like influenza virus aanbevolen.

Influenza season 2015-2016

The influenza epidemic during the 2015-2016 season had a medium intensity and lasted 10 weeks. In Belgium, the epidemic threshold was exceeded from week 4 (25 - 31 January 2016) to week 13 (25 March - 3 April 2016).

The epidemic was of medium intensity. The peak of the epidemic was observed in week 9-2016, with an incidence of 734 consultations for influenza-like syndromes per 100,000 inhabitants. After week 9-2016, the number of influenza-like syndromes fell and was below the threshold after week 14. (Fig. 1).



Source:WIV-ISP

Figure 15. Weekly incidence of influenza-like syndromes per 100,000 inhabitants, 2015-2016 season, Belgium (Source: Sentinel general practices)

Based on ILI surveillance, we have estimated that approximately 380,000 Belgians presented with clinical influenza infections this season, one third of whom were children (between 0 and 14 years). This proportion was higher than it had been in the previous five seasons.

There is no indication that severity has increased (figure 2), except for at-risk patients within the 45-64 years age bracket; a larger proportion of severe infections was observed in these patients in comparison with the previous four seasons. Unlike the previous year, there was no excess mortality (all causes combined) during the influenza epidemic.

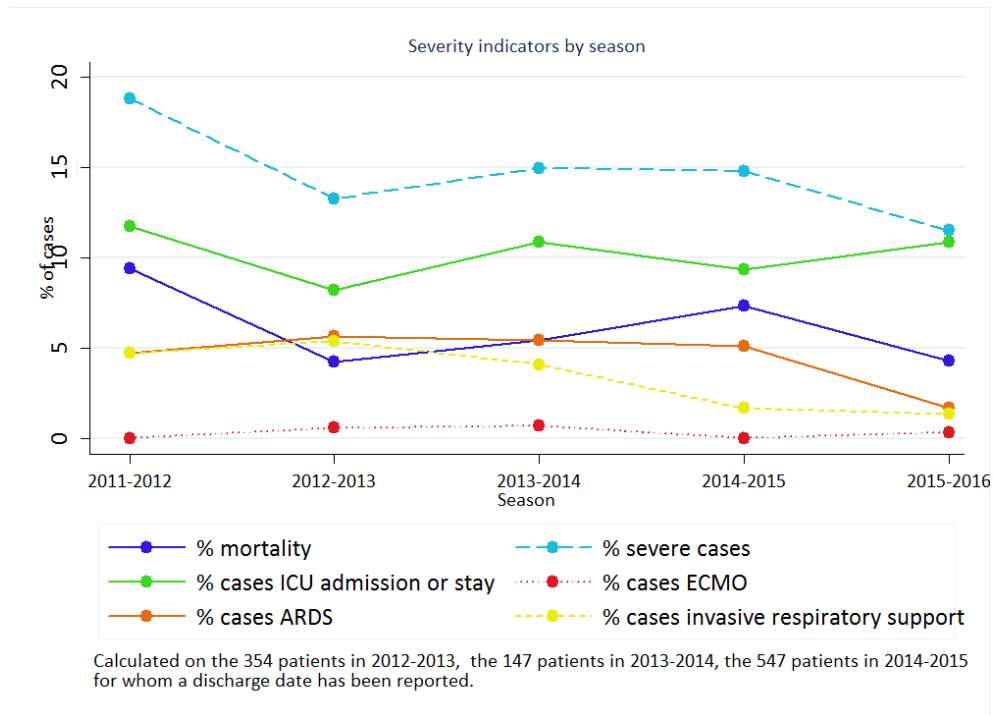


Figure 16. Evolution of severity during the past 5 seasons in patients positive for influenza in Belgium (SARI surveillance)

The first positive sample was diagnosed in week 42-2015 and increasingly large numbers of positive influenza cases were detected from week 53-2015 onwards, reaching a proportion of 80% in week 10-2016. These were mainly A(H1N1)pdm2009 viruses and B viruses in the Victoria lineage, which circulated together.

From week 40-2015 to week 17-2016, 738 respiratory samples were sent by the sentinel GPs network and analysed at the National Influenza Centre. Of these samples, 381 (52%) were positive for influenza with 186 (25%) positive for influenza A and 197 (27%) positive for influenza B (Fig.3). One sample was coinfecting with influenza A and B.

Among the influenza A samples that were subtyped, 93% (173/186) were A(H1N1)pdm2009 and 1% (2/186) were A(H3N2). 11 samples (7%) could not be subtyped due to their low viral load. Of the 197 influenza B samples analysed, 96% (190/197) belonged to the Victoria lineage and 3% (6/197) to the Yamagata lineage (Fig 3.).

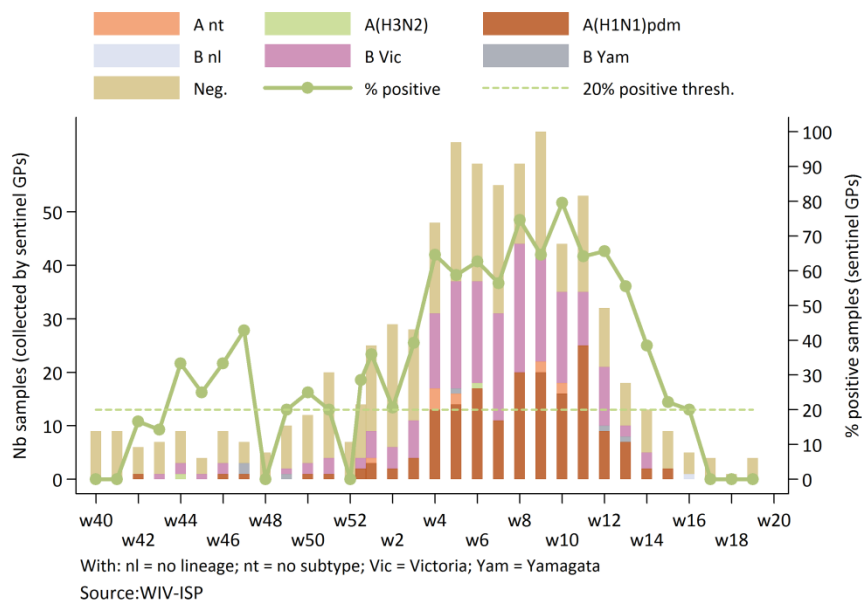


Figure 17. Weekly detection of influenza viruses in Belgium from week 40-2015 to week 17-2016 in the network of sentinel GPs.

Antigenic and genetic characterisation of the strains

A(H1N1)pdm2009

All the A(H1N1)pdm09 viruses that were sequenced during this season belong to group 6B.1, represented by the reference strain A/South Africa/3626/2013. These viruses are antigenically homologous and similar to the vaccine strain A/California/7/2009.

Vaccine virus
 Reference virus
 Circulating virus Belgium

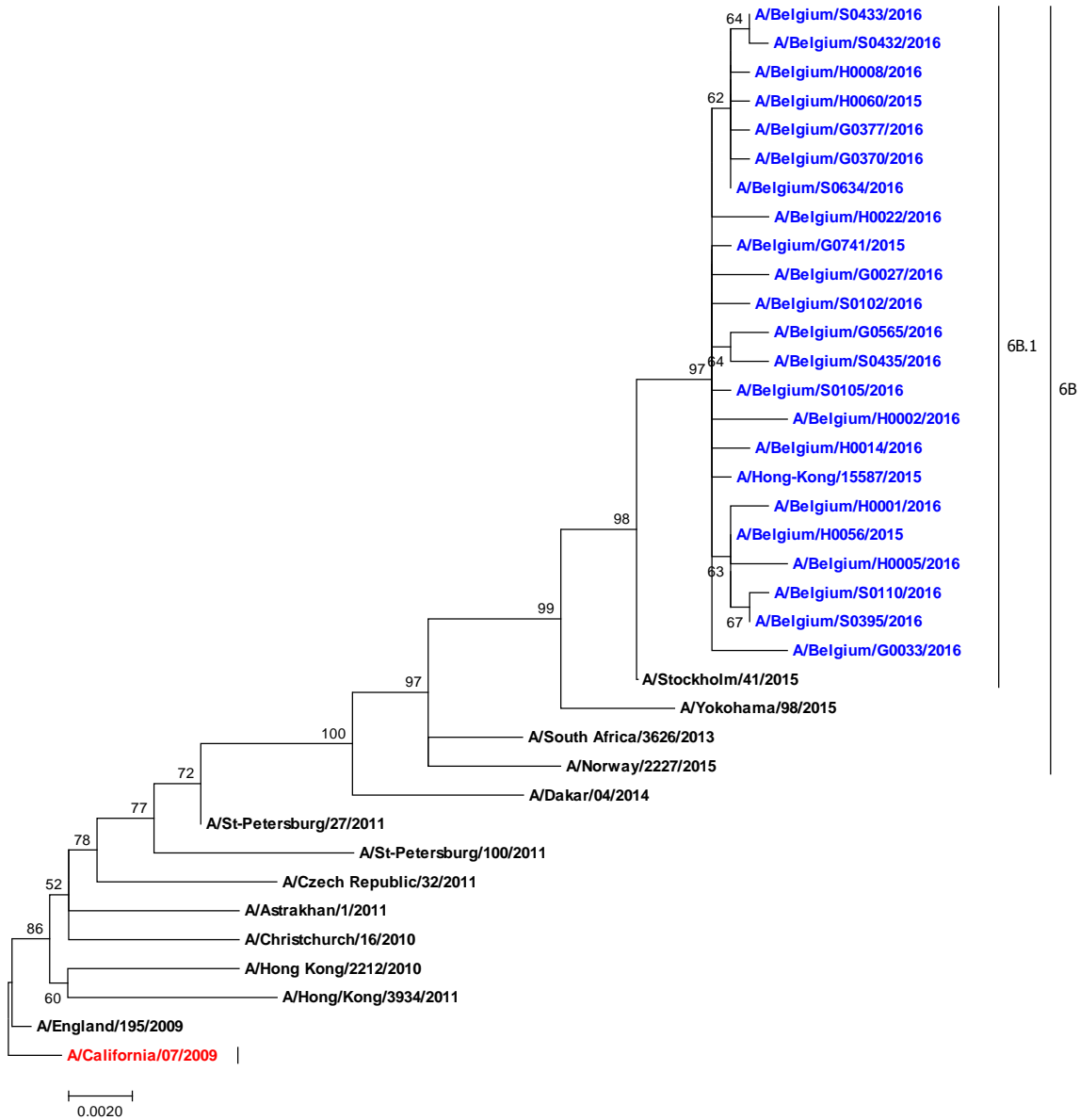


Figure 18. Phylogenetic analysis of the HA sequences of the A(H1N1)pdm2009 viruses analysed in Belgium during the 2015-2016 season in comparison with the vaccine strain and the reference strains.

A(H3N2)

In Belgium, very few A(H3N2) viruses were circulating during the 2015-2016 season. One strain belonged to the 3C.3a group similar to the vaccine strain A/Switzerland/971593/2013 and the other three belonged to the 3C.2a group.

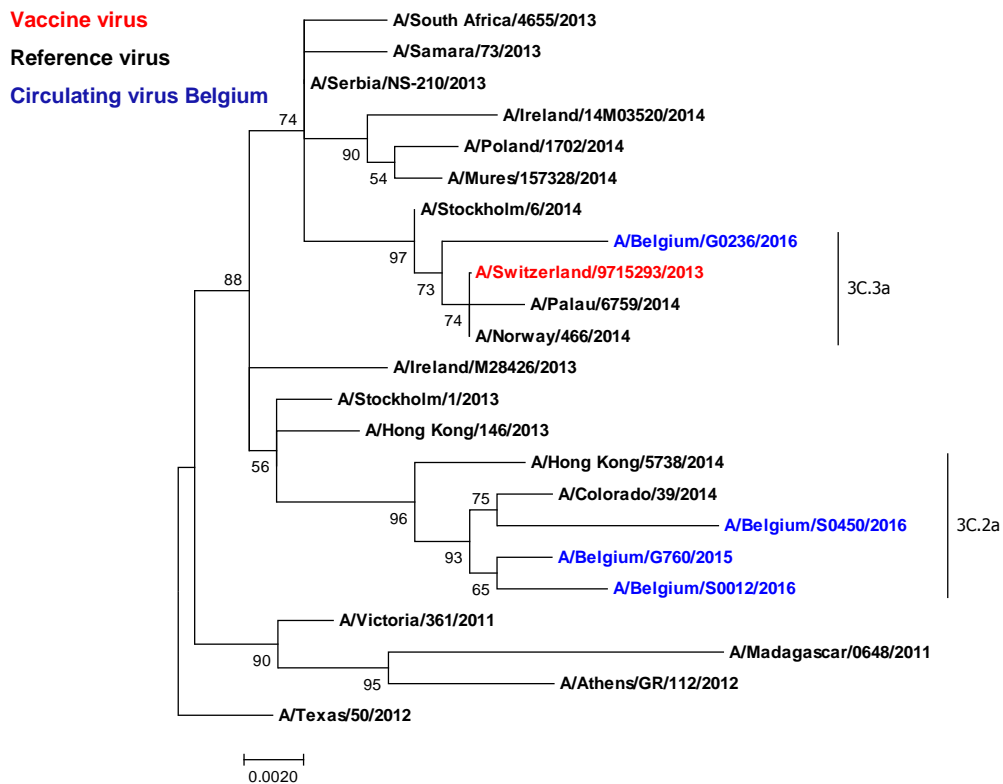


Figure 19. Phylogenetic analysis of the HA sequences of the A(H3N2) viruses analysed in Belgium during the 2015-2016 season in comparison with the vaccine strain and the reference strains.

B Yamagata

Very few influenza B viruses of the Yamagata lineage were circulating in Belgium during the 2015-2016 season. The two viruses that were genetically characterised belonged to clade 3 represented by the vaccine strain B/Phuket/3073/2013 contained in the trivalent vaccine.

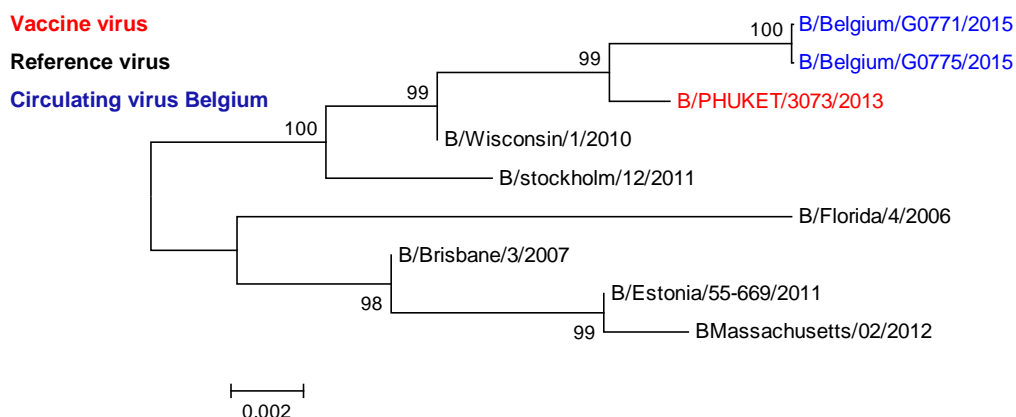


Figure 20. Phylogenetic analysis of the HA sequences of the influenza B viruses of the Yamagata lineage detected in Belgium during the 2015-2016 season in comparison with the vaccine strain and the reference strains.

B Victoria

The majority of the influenza B viruses that were analysed belonged to the Victoria lineage. The viruses that were sequenced during this season belonged to clade 1A, the B/Brisbane/60/2008 clade which is contained in the quadrivalent vaccine.

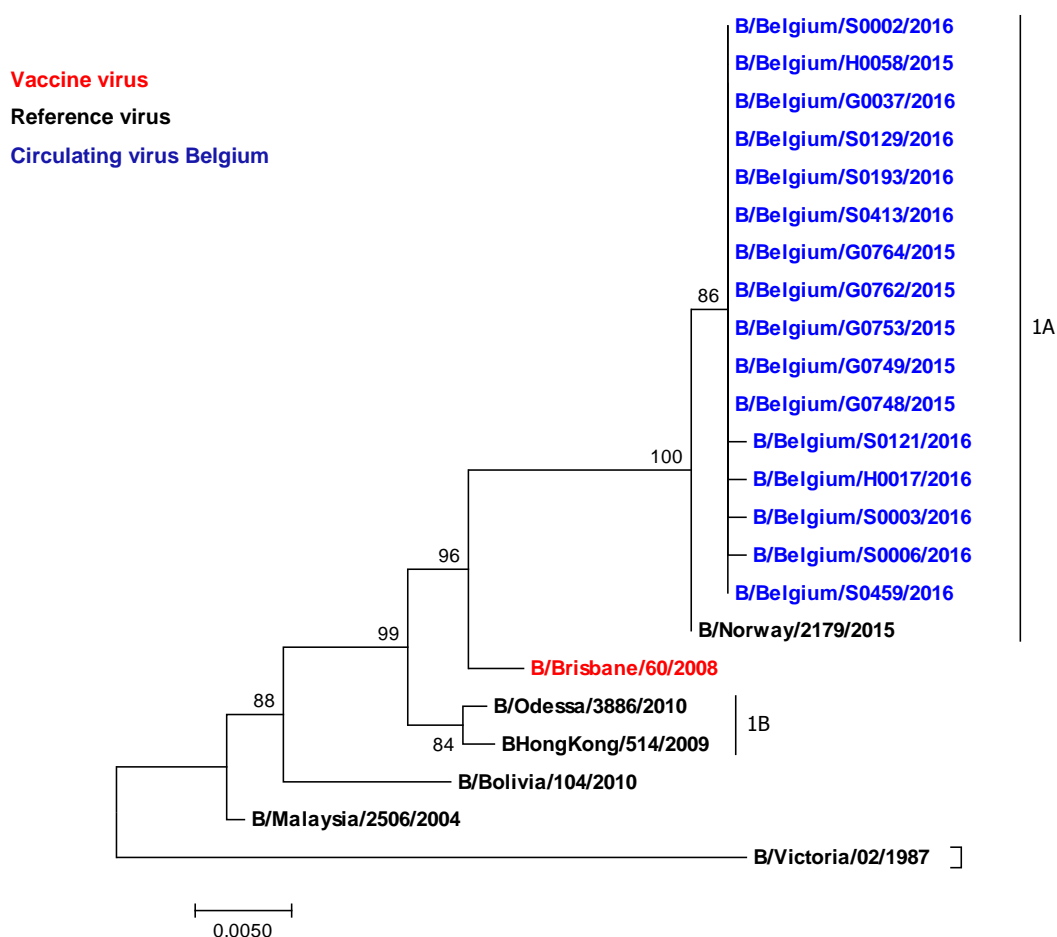


Figure 21. Phylogenetic analysis of the HA sequences of influenza B viruses of the Victoria lineage detected in Belgium during the 2015-2016 season in comparison with the vaccine strain and the reference strains.

Resistance to antivirals.

All the strains analysed were sensitive to neuraminidase inhibitors Oseltamivir and Zanamivir.

The WHO has published its recommendation for the vaccine composition that should be used in the 2016-2017 season in the Northern hemisphere.

- A/California/7/2009 (H1N1)pdm09-like virus;
- A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-like virus;
- B/Brisbane/60/2008-like virus.
Strain B / Phuket / 3073/2013-like virus will be included in the quadrivalent vaccine