



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

DELL'INFLUENZA



2 marzo 2017

Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2017-2018 (Emisfero Nord)

Dal 27 febbraio al 1° marzo 2017 si è svolto a Ginevra il *meeting* annuale dell'OMS per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2017/2018 per l'emisfero Nord.

Le raccomandazioni emanate sono il risultato dei dati di sorveglianza virologica forniti da tutti i Centri Nazionali di riferimento (NIC), afferenti alla rete internazionale dell'OMS, attualmente composta da oltre 140 laboratori.

Qui di seguito viene riportata la nuova composizione vaccinale 2017/2018:

A/Michigan/45/2015 (H1N1)	Nuova variante
A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	Presente anche nel vaccino 2016/2017
B/Brisbane/60/2008 (lineaggio B/Victoria)	Presente anche nel vaccino 2016/2017

L'OMS raccomanda inoltre, nel caso dei vaccini quadrivalenti, l'inserimento del virus B/Phuket/3073/2013-like (lineaggio B/Yamagata), in aggiunta ai tre sopramenzionati.

Il nuovo vaccino conterrà, dunque, una nuova variante antigenica (A/Michigan/45/2015) di sottotipo A(H1N1), che sostituirà il ceppo A/California/7/2009.

Viene qui di seguito riportata una breve sintesi dei risultati delle analisi antigeniche e molecolari.

A(H1N1)pdm09

Da settembre 2016 a febbraio 2017, la maggior parte dei virus di sottotipo A(H1N1), identificati a livello mondiale ricadono nel gruppo filogenetico 6B. Virus di più recente circolazione appartengono al sottogruppo 6B.1 e una piccola percentuale, circolanti in Asia e Oceania, al sottogruppo 6B.2. Tali virus sono risultati antigenicamente indistinguibili dal ceppo A/California/7/2009, contenuto nel vaccino della stagione 2016/2017 per l'emisfero Nord, e dal ceppo A/Michigan/45/2015, contenuto nel vaccino della stagione 2017 per l'emisfero Sud. Tuttavia, i ceppi circolanti hanno mostrato una bassa reattività antigenica con alcuni sieri umani prelevati da soggetti adulti vaccinati (A/California/7/2009).

A(H3N2)

La maggior parte dei virus di sottotipo A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2016 e febbraio 2017, si raggruppano a livello molecolare nei *clade* 3C.2a e nel *subclade* 3C.2a1. Nell'ambito dei suddetti raggruppamenti si è osservata una consistente diversificazione genetica dell'emagglutinina (HA). I virus appartenenti al *clade* 3C.3a hanno circolato a bassi livelli.

Le caratterizzazioni antigeniche, rese difficili dalla scarsa capacità emagglutinante tipica dei ceppi appartenenti al *clade* 3C.2a, hanno evidenziato una buona reattività della maggior parte dei ceppi finora analizzati verso antisieri di furetto ottenuti a partire da ceppi di riferimento propagati in colture cellulari, incluso A/Hong Kong/4801/2014 (*clade* 3C.2a). Questi antisieri hanno mostrato anche una buona reattività con la maggior parte dei ceppi appartenenti al sottogruppo 3C.2a1.

B

I virus influenzali di tipo B appartenenti ai due lineaggi B/Victoria/2/87 e B/Yamagata/16/88 hanno co-circolato, in percentuali variabili nei diversi Paesi.

Lineaggio B/Yamagata/16/88. Dalle analisi di sequenza del gene HA, la maggior parte dei ceppi B/Yamagata in circolazione nella presente stagione sono risultati appartenere al *clade* 3 ed hanno mostrato una buona reattività con gli antisieri diretti verso il virus B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3).

Lineaggio B/Victoria/2/87. Le analisi di sequenza del gene HA hanno mostrato che tutti i ceppi B/Victoria sono risultati appartenere al *clade* 1A. A livello antigenico, i suddetti ceppi hanno mostrato una buona reattività con gli antisieri diretti verso il virus B/Brisbane/60/2008 o B/Texas/2/2013.

Il report completo è consultabile sul sito dell'**OMS**