

SORVEGLIANZA VIROLOGICA DELL'INFLUENZA

20 febbraio 2014

Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2014-2015 (Emisfero Nord)

Dal 17 al 19 febbraio 2014 si è svolto a Ginevra il *meeting* annuale dell'OMS per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2014/2015.

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 2014/2015:

A/California/7/2009 (H1N1)	Presente anche nel vaccino 2013/2014
A/Texas/50/2012 (H3N2)	Presente anche nel vaccino 2013/2014
B/Massachusetts/2/2012 (lineaggio B/Yamagata)	Presente anche nel vaccino 2013/2014

L'OMS raccomanda inoltre, nel caso dei **vaccini quadrivalenti**, l'inserimento del virus B/Brisbane/60/2008-like (lineaggio B/Victoria/2/87), in aggiunta ai tre sopramenzionati.

Il vaccino per la stagione antinfluenzale 2014/2015 rimane, pertanto, invariato rispetto alla stagione 2013/2014.

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

A(H1N1)

Da settembre 2013 a febbraio 2014, tutti i virus di sottotipo A(H1N1), identificati a livello mondiale sono risultati riconducibili al ceppo pandemico A(H1N1)pdm09. Tali virus sono risultati antigenicamente indistinguibili dal ceppo A/California/7/2009, contenuto nel vaccino della stagione 2013/2014.

Le analisi di sequenza dei geni dell'emagglutinina (HA) indicano che la maggioranza dei virus isolati recentemente appartengono al *clade* 6, caratterizzato dalla sostituzione D97N.

A(H3N2)

La maggior parte dei virus di sottotipo A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2013 e gennaio 2014, ha mostrato una buona reattività con antisieri diretti verso il virus vaccinale A/Texas/50/2012.

Le analisi di sequenza dei geni dell'emagglutinina (HA) indicano che la maggioranza dei virus isolati recentemente appartengono ai *clade* filogenetici 3C.3 (80%) e 3C.2 (20%). Entrambi i *clade* sono caratterizzati dalla sostituzione aminoacidica N145S; i virus appartenenti al *clade* 3C.3 sono, inoltre, caratterizzati dalle sostituzioni T128A e R142G.

B

I virus influenzali di tipo B appartenenti ai due lineaggi B/Victoria/2/87 e B/Yamagata/16/88 hanno co-circolato nel periodo compreso tra settembre 2013 e febbraio 2014, anche se i ceppi appartenenti al lineaggio B/Yamagata/16/88 sono risultati predominanti.

Lineaggio B/Yamagata/16/88

Dalle analisi filogenetiche, i ceppi B/Yamagata in circolazione nella presente stagione, sono risultati appartenenti, in egual misura, ai *clade* 2 o 3, distinguibili nei saggi antigenici. La maggior parte dei virus recenti ha mostrato una buona reattività con gli antisieri diretti verso il virus vaccinale B/Massachusetts/2/2012 (*clade* 2).

Lineaggio B/Victoria/2/87

I ceppi circolanti sono risultati antigenicamente indistinguibili dal ceppo B/Brisbane/60/2008 e, dal punto di vista molecolare, rientrano nel sottogruppo filogenetico 1A.

Il report completo è consultabile sul sito dell'[OMS](#)