



NIC - DMI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA dell'INFLUENZA



22 febbraio 2018

Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2018-2019 (Emisfero Nord)

Dal 19 al 21 febbraio 2018 si è svolto a Ginevra il meeting annuale dell'OMS per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2018/2019 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 2018/2019:

A/Michigan/45/2015 (H1N1)	Presente anche nel vaccino 2017/2018
A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2)	Nuova variante
B/Colorado/06/2017 (lineaggio B/Victoria)	Nuova variante

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, due nuove varianti antigeniche: una di tipo A, sottotipo H3N2 (A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016), che sostituirà il ceppo A/Hong Kong/4801/2014 ed una di tipo B (B/Colorado/06/2017-lineaggio Victoria) che sostituirà il ceppo B/Brisbane/60/2008.

Viene qui di seguito riportata una breve sintesi dei risultati delle analisi antigeniche e molecolari. Il report completo è consultabile sul sito dell'OMS.

A(H1N1)pdm09

Da settembre 2017 a gennaio 2018, la maggior parte dei virus di sottotipo A(H1N1) identificati a livello mondiale ricadono nel sottogruppo filogenetico 6B.1 e presentano tre sostituzioni aminoacidiche aggiuntive, S74R, S164T ed I295V. Tali virus sono risultati antigenicamente correlati al ceppo di riferimento A/Michigan/45/2015, contenuto nel vaccino della stagione 2017/2018 per l'emisfero Nord.

A(H3N2)

La maggior parte dei virus di sottotipo A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2017 e gennaio 2018, si raggruppa a livello molecolare nel *clade* 3C.2a. Si osserva ancora una consistente diversificazione genetica, sia per quanto riguarda l'emagglutinina (HA) che la neuraminidasi (NA) virale. Virus appartenenti a diversi sottogruppi genetici, nell'ambito del *clade* 3C.2a, hanno co-circolato soprattutto in America, dove è stato rilevato anche un ristretto numero di ceppi appartenenti al *clade* 3C.3a.

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). Inoltre, i virus A(H3N2) recenti hanno mostrato una buona reattività nei confronti di antisieri di furetto ottenuti a partire dal ceppo di riferimento A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (*clade* 3C.2a1), propagato in uovo.

B

I virus influenzali di tipo B appartenenti ai due lineaggi B/Victoria/2/87 e B/Yamagata/16/88 hanno co-circolato, sebbene questi ultimi siano risultati largamente predominanti nel mondo.

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.

Lineaggio B/Victoria/2/87. Le analisi di sequenza del gene HA hanno mostrato che la maggior parte dei ceppi B/Victoria appartengono al *clade* 1A; tuttavia, in un numero crescente di ceppi, circolanti sia in America che in Europa, è stata evidenziata la presenza di una delezione di 2 aminoacidi (162 e 163) nella HA, associata ad una ridotta reattività antigenica nei confronti di antisieri di furetto ottenuti dal virus di riferimento B/Brisbane/60/2008, propagato in colture cellulari. Una maggiore reattività antigenica si riporta, invece, verso antisieri ottenuti dal virus di B/Colorado/06/2017, incluso nella nuova composizione vaccinale. Un numero limitato di virus con una delezione di 3 aminoacidi (162-164) nella HA è stato, inoltre, identificato ad Hong Kong ed in Cina.

