

SORVEGLIANZA VIROLOGICA DELL'INFLUENZA

26 febbraio 2015

Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2015-2016 (Emisfero Nord)

Dal 23 al 25 febbraio 2015 si è svolto a Ginevra il *meeting* annuale dell'OMS per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2015/2016.

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 2015/2016:

A/California/7/2009 (H1N1)	Presente anche nel vaccino 2014/2015
A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2)	Nuova variante
B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata)	Nuova variante

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 2015/2016 conterrà, pertanto, una nuova variante antigenica di sottotipo H3N2 (**A/Switzerland/9715293/2013**), che sostituirà il ceppo A/Texas/50/2012 contenuto nel vaccino della presente stagione.

Il nuovo vaccino conterrà, inoltre, una nuova variante di tipo B (**B/Phuket/3073/2013**), appartenente sempre al lineage B/Yamagata/16/88, in sostituzione del precedente ceppo vaccinale, B/Massachusetts/2/2012.

Le suddette nuove varianti vaccinali risultano entrambe già inserite nella composizione vaccinale 2015 per l'emisfero sud.

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

A(H1N1)

Da settembre 2014 a gennaio 2015, tutti i virus A(H1N1)pdm09 identificati a livello mondiale sono risultati omogenei ed indistinguibili dal ceppo A/California/7/2009, contenuto nel vaccino della presente stagione 2014/2015.

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

A(H3N2)

I virus A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2014 e gennaio 2015 si raggruppano, a livello molecolare, nei *clades* **3C.2** e **3C.3**. In particolare, i ceppi appartenenti al sottogruppo genetico **3C.2a** sono diventati predominanti in molte parti del mondo. A livello antigenico, la maggior parte dei ceppi finora analizzati, appartenenti ai *clades* **3C.3** (A/Samara/73/2013-like), **3C.2a** (A/HongKong/5738/2014-like), **3C.3a** (A/Switzerland/9715293/2013-like), ha mostrato una scarsa reattività con antisieri diretti verso il virus vaccinale A/Texas/50/2012 (*clade* **3C.1**), ed una maggiore reattività verso la nuova variante A/Switzerland/9715293/2013, già inclusa nella composizione vaccinale 2015 per l'emisfero sud. Pertanto, il ceppo A/Switzerland/9715293/2013 è stato selezionato come componente vaccinale per la stagione 2015/2016, essendo antigenicamente rappresentativo di tutte le nuove varianti circolanti.

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 sopramenzionato, anche se i ceppi appartenenti al lineaggio B/Yamagata sono risultati largamente predominanti.

Lineaggio B/Yamagata/16/88

Dalle analisi filogenetiche, i ceppi B/Yamagata in circolazione nella presente stagione, sono risultati appartenenti ai *clade* 2 e 3, sebbene la maggior parte di essi si raggruppino nel *clade* 3. I virus recenti hanno mostrato una buona reattività con gli antisieri diretti verso il virus B/Phuket/3073/2013 (*clade* 3), raccomandato anche nel vaccino 2015 per l'emisfero sud.

Lineaggio B/Victoria/2/87

La maggior parte dei ceppi B/Victoria sono risultati antigenicamente indistinguibili dal ceppo B/Brisbane/60/2008.

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