



NIC - MIPI
Istituto Superiore di Sanità

SORVEGLIANZA VIROLOGICA

dell'INFLUENZA



26 febbraio 2016

Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2016-2017 (Emisfero Nord)

Dal 22 al 24 febbraio 2016 si è svolto a Ginevra il *meeting* annuale dell'OMS per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2016/2017.

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 2016/2017:

A/California/7/2009 (H1N1)	Presente anche nel vaccino 2015/2016
A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	Nuova variante
B/Brisbane/60/2008 (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 vaccino per la stagione 2016/2017 conterrà, pertanto, una nuova variante antigenica di sottotipo H3N2 (**A/Hong Kong/4801/2014**), che sostituirà il ceppo A/Switzerland/9715293/2013 contenuto nel vaccino della presente stagione. Il nuovo vaccino conterrà, inoltre, un ceppo di tipo B (**B/Brisbane/60/2008**), appartenente al lineage B/Victoria, in sostituzione del precedente ceppo vaccinale, B/Phuket/3073/2013 (lineaggio B/Yamagata).

Le suddette nuove varianti vaccinali risultano entrambe già inserite nella composizione vaccinale 2016 per l'emisfero sud.

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

A(H1N1)

Le caratteristiche antigeniche dei virus A(H1N1)pdm09 identificati a livello mondiale, tra settembre 2015 e gennaio 2016, inclusi i ceppi da casi gravi e fatali, mostrano che la maggior parte di questi risulta omogenea ed indistinguibile dal ceppo A/California/7/2009, contenuto nel vaccino della presente stagione 2015/2016.

Dalle analisi di sequenza dei geni dell'emagglutinina (HA), si evidenzia la comparsa di due nuovi *sub-clades* (6B.1 e 6B.2) nell'ambito del *clade* **6B**. Nella maggior parte del mondo, la proporzione di ceppi appartenenti al *sub-clade* 6B.1 è aumentata rapidamente a partire da ottobre 2015, fino a diventare prevalente. Tuttavia, i virus del *sub-clade* 6B.2 hanno predominato in Cina.

La maggior parte dei ceppi appartenenti ai due *sub-clades*, che risultano in continua evoluzione, sono al momento antigenicamente indistinguibili dal virus A/California/7/2009.

A(H3N2)

I virus A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2015 e gennaio 2016 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 tutto il mondo. Il sottogruppo 3C.3a ha continuato a circolare ma a bassi livelli. I virus del sottogruppo genetico 3C.3b sono stati rilevati solo sporadicamente.

Le caratterizzazioni antigeniche, rese difficili dalla scarsa o nulla capacità emagglutinante tipica dei ceppi appartenenti al sottogruppo 3C.2a, hanno mostrato che la maggior parte dei ceppi finora analizzati venivano ben inibiti da antisieri di furetto diretti verso il ceppo di riferimento A/Hong Kong/4801/2014 (*clade* 3C.2a). Questi antisieri hanno mostrato anche una buona reattività con la maggior parte dei ceppi appartenenti ai sottogruppi 3C.3a e 3C.3b.

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/Victoria sono risultati predominanti nella maggior parte del mondo.

Lineaggio B/Victoria/2/87

Le analisi di sequenza del gene HA hanno mostrato che tutti i ceppi B/Victoria sono risultati appartenenti 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, raccomandato anche nel vaccino 2016 per l'emisfero sud.

Lineaggio B/Yamagata/16/88

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

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