



NIC - DMI  
Istituto Superiore di Sanità

## SORVEGLIANZA VIROLOGICA

### dell'INFLUENZA



21 marzo 2019

### COMUNICATO DEFINITIVO

#### Raccomandazioni dell'OMS per la composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2019-2020 (Emisfero Nord)

Il 21 febbraio 2019, a seguito del meeting annuale per l'aggiornamento della composizione del vaccino antinfluenzale per la stagione 2019/2020 per l'emisfero Nord, l'OMS ha emanato le raccomandazioni sulla composizione di tre dei quattro componenti vaccinali. La decisione riguardante la componente A(H3N2) era stata posticipata di un mese, al fine di valutare al meglio la distribuzione e le proporzioni dei ceppi influenzali A(H3N2) più recenti, dotati di caratteristiche genetiche ed antigeniche differenti rispetto al precedente ceppo vaccinale.

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 composizione definitiva per il vaccino quadrivalente per la stagione 2019/2020:

<b>A/Brisbane/02/2018</b> (H1N1)	<b>Nuova variante</b>
<b>A/Kansas/14/2017</b> (H3N2)	<b>Nuova variante</b>
<b>B/Colorado/06/2017</b> (lineaggio B/Victoria)	Presente anche nel vaccino 2018/2019
<b>B/Phuket/3073/2013</b> (lineaggio B/Yamagata)	Presente anche nel vaccino 2018/2019

Nel caso dei vaccini trivalenti, l'OMS raccomanda l'inserimento del virus **B/Colorado/06/2017-like** (lineaggio B/Victoria), in aggiunta ai due ceppi di tipo A sopramenzionati.

Il nuovo vaccino conterrà, dunque, due nuove varianti antigeniche di tipo A: una di sottotipo H1N1 (A/Brisbane/02/2018) che sostituirà il ceppo A/Michigan/45/2015, ed una di sottotipo H3N2 (A/Kansas/14/2017) che sostituirà il ceppo A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016.

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 2018 a gennaio 2019, la maggior parte dei virus di sottotipo A(H1N1)pdm09 identificati a livello mondiale possiedono un gene dell'emagglutinina (HA) che appartiene al sottogruppo genetico 6B.1, come il ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015. Tuttavia, tutti i virus circolanti risultano essere caratterizzati da tre sostituzioni aminoacidiche aggiuntive (S74R, S164T ed I295V) rispetto al suddetto ceppo vaccinale, che definiscono il cosiddetto *subclade* 6B.1A. Nell'ambito di questo sottogruppo, è stata recentemente osservata una consistente diversificazione genetica nella HA virale, con l'emergenza di nuovi sottogruppi genetici. Ad oggi, risultano nel complesso predominanti i virus caratterizzati dalla ulteriore sostituzione aminoacidica S183P, come osservato ad esempio nel ceppo di riferimento A/Brisbane/02/2018. Sebbene la maggior parte dei virus A(H1N1)pdm09 circolanti nel mondo siano risultati antigenicamente correlati al ceppo vaccinale A/Michigan/45/2015, contenuto nel vaccino della stagione 2018/2019 per l'emisfero Nord, in alcuni casi è stata evidenziata una minore reattività dell'antisiero ottenuto verso il suddetto ceppo vaccinale nei confronti dei virus più recenti, appartenenti al sottogruppo 6B.1A.

## A(H3N2)

La maggior parte dei virus di sottotipo A(H3N2), circolanti nel periodo compreso tra settembre 2018 e gennaio 2019, si raggruppa a livello molecolare nel *subclade* 3C.2a1b. Si continua ad osservare una consistente diversificazione genetica, sia a livello del gene HA che della neuraminidasi (NA), ed i virus appartenenti al *subclade* 3C.2a2 hanno circolato in minor proporzione nell'ultimo periodo, rispetto al semestre precedente. Al contrario, a partire da novembre 2018, si registra un incremento nella circolazione dei ceppi appartenenti al *clade* 3C.3a in diverse aree geografiche. Le caratterizzazioni antigeniche, rese sempre difficili dalla scarsa capacità emagglutinante dei ceppi appartenenti al *clade* 3C.2a, vengono per lo più condotte attraverso saggi di virus neutralizzazione. I risultati finora ottenuti hanno evidenziato che i virus appartenenti ai *clade* 3C.2a e 3C.3a sono distinguibili tra di loro a livello antigenico, così come anche i virus appartenenti ai *clade* 3C.2a1b e 3C.2a2.

## B

I virus influenzali di tipo B appartenenti ai due lineaggi B/Victoria/2/87 e B/Yamagata/16/88 hanno co-circolato nel mondo, sebbene a bassissimi livelli ed in proporzioni variabili da regione a regione.

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, ma con significative differenze a livello genetico: sono stati identificati, in particolare, virus privi di delezioni aminoacidiche nella HA, virus con una delezione di due aminoacidi (162-163) ed una proporzione crescente di virus caratterizzati da una delezione di tre aminoacidi (162-164) nella HA, in circolazione in molti paesi. La maggior parte dei virus con la delezione 162-163 ha mostrato una buona reattività antigenica nei confronti di antisieri di furetto ottenuti dal virus di riferimento B/Colorado/06/2017, mentre tutti gli altri virus hanno reagito a livelli più bassi.

