



Organisation mondiale de la Santé

Weekly epidemiological record

Relevé épidémiologique hebdomadaire

22 OCTOBER 2021, 96th YEAR / 22 OCTOBRE 2021, 96^e ANNÉE

No 42, 2021, 96, 509–520

<http://www.who.int/wer>

Contents

509 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022 southern hemisphere influenza season

Sommaire

509 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022 southern hemisphere influenza season

September 2021

WHO convenes technical consultations¹ in February and September each year to recommend viruses for inclusion in influenza vaccines² for the northern and southern hemisphere influenza seasons, respectively. This recommendation relates to the influenza vaccines for use in the southern hemisphere 2022 influenza season. A recommendation will be made in February 2022 relating to vaccines that will be used for the northern hemisphere 2022–2023 influenza season. For countries in tropical and subtropical regions, WHO recommendations for influenza vaccine composition (northern hemisphere or southern hemisphere) are available on the WHO Global Influenza Programme website.³

Seasonal influenza activity

Greatly reduced numbers of influenza viruses were available for characterization during the 01 February to 31 August 2021 time-period than in previous years. SARS-CoV-2 mitigation strategies including travel restrictions, use of personal protective equipment and social-distancing measures in several countries contributed to decreased influenza activity. Furthermore, public health and laboratory responses to the COVID-19 pandemic, caused by SARS-CoV-2, may have led to reduced influenza surveillance and/or reporting activities in some countries (*Map 1*).

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud

Septembre 2021

En février et en septembre de chaque année, l'OMS organise des consultations techniques¹ en vue de formuler des recommandations sur les virus devant entrer dans la composition des vaccins antigrippaux² pour les saisons grippales de l'hémisphère Nord et de l'hémisphère Sud, respectivement. La présente recommandation s'applique aux vaccins contre la grippe à utiliser pendant la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud. Une recommandation concernant les vaccins devant servir pendant la saison grippale 2022–2023 dans l'hémisphère Nord sera formulée en février 2022. Pour les pays des régions tropicales et subtropicales, des recommandations de l'OMS sur la composition des vaccins antigrippaux (hémisphère Nord ou hémisphère Sud) sont disponibles sur le site Web du Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS.³

Activité grippale saisonnière

Au cours de la période allant du 1^{er} février au 31 août 2021, le nombre de virus grippaux disponibles pour la caractérisation a été considérablement réduit par rapport aux années précédentes. Les stratégies d'atténuation de la propagation du SARS-CoV-2 mises en œuvre dans un certain nombre de pays, notamment les restrictions de voyage, l'utilisation d'équipements de protection individuelle et les mesures de distanciation physique, ont contribué à réduire l'activité grippale. Les mesures de santé publique et l'activité des laboratoires en réponse à la pandémie de COVID-19, causée par le SARS-CoV-2, peuvent avoir entraîné une réduction des activités de surveillance et/ou de notification de la grippe dans certains pays (*Carte 1*).

¹ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

² See https://apps.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf

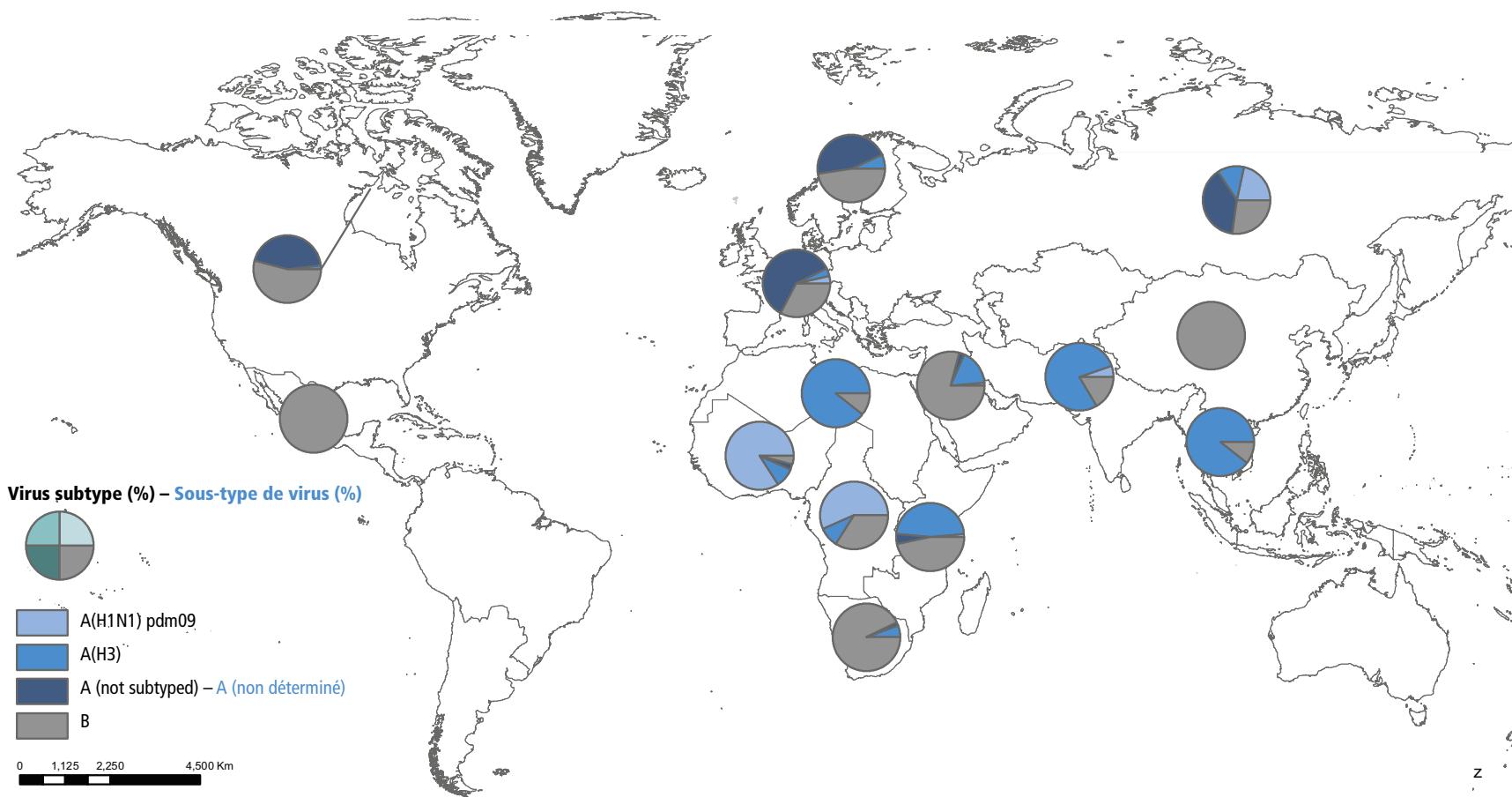
³ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/vaccine-in-tropics-and-subtropics>

¹ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

² Voir https://apps.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf

³ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/vaccine-in-tropics-and-subtropics>

Map 1 Distribution of influenza-virus subtypes by influenza transmission zone (February-August 2021)
 Carte 1 Répartition des sous-types de virus grippaux par zone de transmission de la grippe (Février-Août 2021)



Note: the available country data were joined in larger geographical areas with similar influenza transmission patterns to be able to give an overview (www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/EN_GIP_Influenza_transmission_zones.pdf). – Note: on a regroupé les données par pays disponibles à l'intérieur de zones géographiques plus larges caractérisées par des schémas similaires de transmission de la grippe en vue d'en donner une présentation plus générale (www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/EN_GIP_Influenza_transmission_zones.pdf).

Source: WHO Global Influenza Programme/ Flunet (www.who.int/flunet), 13 September 2021. – Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS/Flunet (www.who.int/flunet), 13 septembre 2021.

The boundaries and names shown and the designations used on this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement. – Les appellations employées dans la présente publication et la présentation des données qui y figurent n'impliquent de la part de l'Organisation mondiale de la Santé aucune prise de position quant au statut juridique des pays, territoires, villes ou zones, ou de leurs autorités, ni quant au tracé de leurs frontières ou limites. Les lignes en pointillé sur les cartes représentent des frontières approximatives dont le tracé peut ne pas avoir fait l'objet d'un accord définitif.

© World Health Organization (WHO) 2021. All rights reserved. – © Organisation mondiale de la Santé (OMS) 2021. Tous droits réservés.

From February through August 2021, very low levels of influenza were reported in all regions, including from countries in the temperate zone of the southern hemisphere. During this period, influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and influenza B viruses circulated, although the proportions of the viruses circulating varied among reporting countries.

In the temperate zone of the northern hemisphere, influenza activity remained well below inter-seasonal norms with very low-level detections of influenza A and/or B viruses in most reporting countries. There were only sporadic detections of influenza A and B viruses in Europe with a predominance of influenza A viruses. Of the influenza A viruses where subtyping was performed, A(H1N1)pdm09 was detected more frequently than A(H3N2). Influenza virus detections were reported mainly by Denmark, Norway, Sweden, and the United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland. In Asia, the proportions of influenza A and B viruses detected differed among reporting countries. In China, Pakistan, Qatar and Saudi Arabia, influenza B was predominant, while in the Democratic People's Republic of Korea, influenza A was predominant with A(H1N1) pdm09 and A(H3N2) viruses detected in almost equal proportions. Of the influenza B viruses in Asia where lineage was determined, the great majority belonged to the B/Victoria/2/87 lineage. In North America, equal proportions of influenza A and B viruses were reported. In Africa, Egypt reported influenza A(H3N2) and influenza B activity from April to July, with a predominance of A(H3N2) viruses. In other regions of the temperate zone of the northern hemisphere, there was little or no influenza activity reported during this period.

Influenza activity in tropical and subtropical countries was generally very low in comparison to influenza seasons prior to the COVID-19 pandemic. While influenza A and B were reported in varying proportions by countries in Africa and Asia, there was an overall predominance of influenza A viruses. In east African countries, there was a predominance of influenza A(H3N2), followed by influenza B and A(H1N1)pdm09, with the majority of these detections reported by Ethiopia, Kenya and United Republic of Tanzania. In central and west African countries, most influenza detections were reported by Cameroon, Côte d'Ivoire and Ghana, where A(H1N1)pdm09 dominated though A(H3N2) and influenza B also circulated. In the tropical countries of south and south-east Asia, influenza A(H3N2) was predominant in India, Lao People's Democratic Republic, Nepal, the Philippines, Thailand and Timor-Leste while influenza B predominated in Bangladesh. Of the influenza B viruses in Africa and Asia where lineage was determined, all belonged to the B/Victoria/2/87 lineage. Very few detections of influenza A and B viruses were reported from the tropical countries of Central America and the Caribbean, with a predominance of influenza B viruses and, where lineage was determined, all but one were B/Victoria/2/87 lineage. The majority of influenza detections from the Caribbean region were reported by Haiti. In other tropical and subtropical countries, there was little or no influenza activity reported.

Entre février et août 2021, de très faibles niveaux de grippe ont été rapportés dans toutes les Régions, y compris dans les pays de la zone tempérée de l'hémisphère Sud. Au cours de cette période, les virus grippaux A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et B ont circulé, bien que dans des proportions variables selon les pays qui ont transmis des données.

Dans la zone tempérée de l'hémisphère Nord, l'activité grippale est restée bien en deçà des normales intersaisonnieres, avec de très faibles niveaux de détection des virus grippaux A et/ou B dans la plupart des pays qui ont transmis leurs rapports. En Europe, les virus de la grippe A ou B n'ont été détectés que sporadiquement, avec une prédominance de virus grippaux A. Parmi les virus de la grippe A sous-typés, le virus A(H1N1) pdm09 a été détecté plus fréquemment que le virus A(H3N2). Les détections de virus grippaux ont été signalées principalement par le Danemark, la Norvège, le Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord et la Suède. En Asie, les proportions de virus grippaux A et B détectés différaient selon les pays qui ont communiqué des données. En Arabie saoudite, en Chine, au Pakistan et au Qatar, la grippe B a prédominé, tandis qu'en République populaire démocratique de Corée, la grippe A a été prédominante et les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont été détectés en proportions sensiblement égales. En Asie, la grande majorité des virus grippaux B dont la lignée a été déterminée appartenait à la lignée B/Victoria/2/87. En Amérique du Nord, les virus de la grippe A et B ont été signalés en proportions égales. En Afrique, l'Egypte a fait état d'une activité de grippe A(H3N2) et de grippe B d'avril à juillet, avec une prédominance des virus A(H3N2). Les autres régions de la zone tempérée de l'hémisphère Nord ont signalé une activité grippale nulle ou faible pendant la période couverte par ce rapport.

Dans l'ensemble, l'activité grippale **dans les pays tropicaux et subtropicaux** a été très faible par rapport aux saisons grippales antérieures à la pandémie de COVID-19. Si les grippes A et B ont été signalées dans des proportions variables par les pays d'Afrique et d'Asie, les virus grippaux A ont globalement prédominé. Dans les pays d'Afrique orientale, on a constaté une prédominance de la grippe A(H3N2), suivie de la grippe B et de la grippe A(H1N1)pdm09, la majorité de ces détections ayant été signalées par l'Éthiopie, le Kenya et la République-Unie de Tanzanie. Dans les pays d'Afrique centrale et occidentale, la plupart des détections de grippe ont été signalées par le Cameroun, la Côte d'Ivoire et le Ghana, où la grippe A(H1N1)pdm09 a dominé, bien que la grippe A(H3N2) et la grippe B aient également circulé. Dans les pays tropicaux d'Asie du Sud et du Sud-Est, la grippe A(H3N2) a prédominé en Inde, au Népal, aux Philippines, en République démocratique populaire lao, en Thaïlande et au Timor-Leste, tandis que la grippe B a prédominé au Bangladesh. En Afrique et en Asie, tous les virus grippaux B dont la lignée a été déterminée appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. Très peu de détections de virus grippaux A et B ont été signalées dans les pays tropicaux d'Amérique centrale et des Caraïbes, avec une prédominance des virus grippaux B et, parmi les virus dont la lignée a été déterminée, tous sauf un appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. La majorité des détections de grippe dans la région des Caraïbes a été signalée par Haïti. Dans les autres pays tropicaux et subtropicaux, l'activité grippale signalée a été faible ou nulle.

In the **temperate zone of the southern hemisphere**, very few influenza virus detections were reported and detection rates remained below seasonal epidemic thresholds despite testing being at usual or increased levels. In South Africa, both influenza A and B viruses were reported with a predominance of influenza B. Of the influenza B viruses where lineage was determined, only B/Victoria/2/87 lineage viruses were detected. There was little or no influenza activity reported in other countries.

Influenza A

Globally, influenza A viruses were detected in more countries than influenza B viruses. Influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses were reported in most regions. In Africa, proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) varied among reporting countries. In east and north African countries, A(H3N2) was predominant while in central and west African countries, A(H1N1)pdm09 was dominant. In Asia, A(H3N2) viruses were predominant, and in south-east Asian countries it was the only influenza A subtype reported. In Europe, both A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses circulated with a predominance of A(H1N1)pdm09. In North America, equal proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses were detected.

Influenza B

Globally, influenza B virus detections outnumbered those of influenza A during this period. Influenza B viruses predominated in Africa (United Republic of Tanzania, Ethiopia, Kenya, Madagascar and South Africa), Asia (Bangladesh, China, Oman, Pakistan, Qatar and Saudi Arabia), Europe (Sweden and the Russian Federation) and the Caribbean (Haiti). China reported the great majority of these detections. Where influenza B virus lineage was determined, nearly all were B/Victoria/2/87 lineage viruses with very few B/Yamagata/16/88 lineage viruses reported globally. None of the B/Yamagata/16/88 lineage viruses were available for characterization.

Detailed information by country of the extent of seasonal influenza activity and type/subtype of viruses worldwide is available on the WHO website: <https://www.who.int/tools/flunet>.

Antigenic and genetic characteristics of recent seasonal influenza viruses, human serology and antiviral susceptibility

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses

A(H1N1)pdm09 viruses that have circulated since September 2020 have haemagglutinin (HA) genes that belong to phylogenetic clades 6B.1A5 and 6B.1A7, with the vast majority clustering within subclade 6B.1A5A, characterized by HA1 amino acid substitutions N129D, T185I and N260D. Subclade 6B.1A5A (**5A**) has further diverged into two major groups defined by HA amino acid substitutions: **5A1** (formerly 5A-187A), characterized by D187A and Q189E (located in HA antigenic site Sb) and **5A2** (formerly 5A-156K) defined by K130N, N156K (located in antigenic site Sa), L161I, V250A in HA1 and E179D in HA2 (E506D). Viruses belonging to

Dans les zones tempérées de l'hémisphère Sud, très peu de détections de virus grippaux ont été signalées et les taux de détection sont restés inférieurs aux seuils épidémiques saisonniers, bien que le nombre de tests réalisés ait été égal ou supérieur à ce qui se fait habituellement. En Afrique du Sud, des virus grippaux A et B ont été signalés, avec une prédominance de virus de la grippe B. Parmi ces derniers, lorsque la lignée a été déterminée, tous appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. Dans les autres pays, l'activité grippale signalée a été faible ou nulle.

Grippe A

Au niveau mondial, davantage de pays ont détecté des virus grippaux A par rapport aux virus grippaux B. Les virus de la grippe A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont été signalés dans la plupart des régions. En Afrique, ces deux virus ont été détectés dans des proportions variables. Dans les pays d'Afrique de l'Est et du Nord, les virus grippaux A(H3N2) ont prédominé, tandis que dans les pays d'Afrique centrale et occidentale, les virus prédominants étaient ceux de la grippe A(H1N1)pdm09. En Asie, les virus A(H3N2) étaient prédominants et, dans les pays d'Asie du Sud-Est, seul ce sous-type de virus grippal A a été signalé. En Europe, les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont circulé avec une prédominance de virus A(H1N1)pdm09. En Amérique du Nord, les virus de la grippe A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont été détectées en proportions égales.

Grippe B

A l'échelle mondiale, les détections de virus grippaux B ont été plus nombreuses que celles des virus grippaux A au cours de cette période. Les virus de la grippe B ont prédominé en Afrique (Afrique du Sud, Éthiopie, Kenya, Madagascar et République-Unie de Tanzanie), en Asie (Arabie saoudite, Bangladesh, Chine, Oman, Pakistan et Qatar), en Europe (Fédération de Russie et Suède) et dans les Caraïbes (Haïti). La grande majorité de ces détections a été rapportée par la Chine. Presque tous les virus grippaux B dont la lignée a été déterminée appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87 et très peu de virus de la lignée B/Yamagata/16/88 ont été signalés dans le monde. Aucun des virus de la lignée B/Yamagata/16/88 n'était disponible pour la caractérisation.

Des informations détaillées par pays sur l'ampleur de l'activité grippale saisonnière et le type/sous-type de virus observés dans le monde sont disponibles sur le site Web de l'OMS: <https://www.who.int/tools/flunet>.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux saisonniers récents, sérologie humaine et sensibilité aux antiviraux

Virus grippaux A(H1N1)pdm09

Les virus A(H1N1)pdm09 qui circulaient depuis septembre 2020 possèdent des gènes de l'hémagglutinine qui appartiennent aux clades phylogénétiques 6B.1A5 et 6B.1A7, la grande majorité se regroupant au sein du sous-clade 6B.1A5A, caractérisé par les substitutions d'acides aminés N129D, T185I et N260D au niveau de la sous-unité HA1. Le sous-clade 6B.1A5A (**5A**) a ensuite divergé en deux groupes principaux définis par les substitutions d'acides aminés suivantes au niveau de l'hémagglutinine: **5A1** (anciennement 5A-187A), caractérisé par les substitutions D187A et Q189E (situation au niveau du site antigénique Sb de l'hémagglutinine), et **5A2** (anciennement 5A-156K), défini par les substitutions K130N, N156K (situation au niveau du site antigénique

both groups have circulated during 2020-2021. Since February 2021, 5A1 viruses had predominated but 5A2 viruses have been detected recently in India and in travellers returning to Australia from India.

The antigenic characteristics of A(H1N1)pdm09 viruses were assessed with post-infection ferret antisera in haemagglutination inhibition (HI) assays. However, only a limited number of viruses with collection dates after January 2021 were available for antigenic analysis. Results showed that 5A1 viruses were well recognized by antisera raised against the 2020-2021 northern hemisphere vaccine viruses (egg-propagated A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 and cell culture-propagated A/Hawaii/70/2019). However, 5A2 viruses were poorly recognized by these antisera. Antisera raised against the 2021 southern hemisphere vaccine viruses (egg-propagated A/Victoria/2570/2019 and cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019) recognized 5A2 viruses well, but showed poor recognition of 5A1, and 6B.1A7 viruses, which retain N156 in HA1.

Human serology studies used 15 serum panels, from children (6 months to 17 years), adults (18-64 years) and older adults (≥ 65 years) who had received egg-based quadrivalent inactivated vaccines (standard, high dose or with adjuvant) or cell culture-based quadrivalent inactivated vaccine. Egg-based vaccine formulations for the northern hemisphere in 2020-2021 (NH 2020-21: 13 serum panels) contained antigens from A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 (H1N1)pdm09-like, A/Hong Kong/2671/2019 (H3N2)-like, B/Washington/02/2019-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013-like (B/Yamagata lineage) viruses. Cell culture-based NH 2020-21 vaccines contained A/Hawaii/70/2019 (H1N1)pdm09-like and A/Hong Kong/45/2019 (H3N2)-like virus antigens as well as the required influenza B components. The vaccine formulations for the southern hemisphere in 2021 (SH 2021: 2 serum panels) contained a change in the A(H1N1)pdm09 component. The egg- and cell culture-based vaccines contained A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like and A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like viruses, respectively.

In serum panels from recipients of NH 2020-21 vaccines, when compared to titres against cell culture-propagated A/Hawaii/70/2019 (H1N1)pdm09-like 5A1 vaccine viruses, post-vaccination HI geometric mean titres (GMTs) against cell culture-propagated 5A2 viruses were significantly reduced in almost all serum panels. GMTs against most cell culture-propagated 5A1 viruses were not significantly reduced. In serum panels from recipients of SH 2021 vaccines, when compared to titres against cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like 5A2 vaccine viruses, post-vaccination HI GMTs against the majority of recent 5A1 and 5A2 cell culture-propagated viruses were not significantly reduced.

Sa), L161I, V250A dans la région HA1, et E179D (E506D) dans la région HA2. Des virus appartenant à ces deux groupes ont circulé en 2020-2021. Depuis février 2021, les virus 5A1 prédominaient, mais des virus 5A2 ont récemment été détectés en Inde et chez des voyageurs rentrant en Australie après un séjour en Inde.

Les caractéristiques antigéniques des virus A(H1N1)pdm09 ont été déterminées au moyen d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination utilisant des antisérum de furet postinfection. Toutefois, seul un nombre limité de virus recueillis après janvier 2021 était disponible pour l'analyse antigénique. Les résultats ont montré que les virus du groupe 5A1 ont été bien reconnus par les antisérum dirigés contre les virus vaccinaux recommandés pour la saison 2020-2021 dans l'hémisphère Nord (virus de type A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 propagés sur œufs et virus de type A/Hawaii/70/2019 propagés en culture cellulaire). En revanche, les virus du groupe 5A2 ont été mal reconnus par ces antisérum. Les antisérum dirigés contre les virus vaccinaux recommandés en 2021 dans l'hémisphère Sud (virus de type A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs et de type A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire) ont bien reconnu les virus du groupe 5A2, mais ont mal reconnu les virus du groupe 5A1 et les virus 6B.1A7, qui conservent la mutation N156K au niveau de HA1.

Les études sérologiques chez l'homme ont été effectuées en utilisant 15 batteries de sérums provenant d'enfants (âgés de 6 mois à 17 ans), d'adultes (âgés de 18 à 64 ans) et de personnes âgées (âgées de ≥ 65 ans) ayant reçu un vaccin quadrivalent inactivé préparé sur œufs (dose standard ou élevée ou avec adjuvant) ou un vaccin quadrivalent inactivé préparé en culture cellulaire. Les formulations du vaccin préparé sur œufs pour la saison 2020-2021 dans l'hémisphère Nord (NH 2020-21: 13 batteries de sérums) contenaient des antigènes des virus de type A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 (H1N1)pdm09, A/Hong Kong/2671/2019 (H3N2), B/Washington/02/2019 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata). Les vaccins NH 2020-21 préparés en culture cellulaire contenaient des antigènes des virus de type A/Hawaii/70/2019 (H1N1)pdm09 et A/Hong Kong/45/2019 (H3N2) ainsi que les composants nécessaires du virus grippal B. Les formulations du vaccin pour 2021 dans l'hémisphère Sud (SH 2021: 2 batteries de sérums) contenaient une modification du composant du virus A(H1N1)pdm09. Les vaccins préparés sur œufs et en culture cellulaire contenaient des virus de type A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09 et A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09, respectivement.

Dans les tests réalisés sur les batteries de sérums provenant de personnes ayant reçu le vaccin NH 2020-21, la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus 5A2 propagés en culture cellulaire, obtenue par inhibition de l'hémagglutination, était significativement réduite pour presque toutes les batteries de sérums, par rapport à la moyenne géométrique des titres d'anticorps dirigés contre les virus vaccinaux 5A1 de type A/Hawaii/70/2019 (H1N1)pdm09 propagés en culture cellulaire. La moyenne géométrique des titres d'anticorps dirigés contre la plupart des virus 5A1 propagés en culture cellulaire n'était pas significativement réduite. Dans les tests effectués sur les batteries de sérums provenant de personnes ayant reçu le vaccin SH 2021, la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre la plupart des virus 5A1 et 5A2 récents propagés en culture cellulaire, obtenue par inhibition de l'hémagglutination, n'était pas significativement réduite par rapport aux titres d'anticorps dirigés contre les virus vaccinaux 5A2 de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09 propagés en culture cellulaire.

Of 133 A(H1N1)pdm09 viruses collected after January 2021 and examined by genetic or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced inhibition by neuraminidase inhibitors. Of 124 A(H1N1)pdm09 viruses analysed, one had a PA amino acid substitution (E23K) associated with reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir.

Influenza A(H3N2) viruses

Phylogenetic analysis of the HA gene of A(H3N2) viruses collected from February through August 2021 showed the vast majority fell into genetic clade 3C.2a1b with three subclades: 3C.2a1b.**1a** (also called T135K-A) with HA1 substitutions T135K (resulting in the loss of a glycosylation site), A138S, G186D, D190N, F193S and S198P; 3C.2a1b.**1b** (also called T135K-B) with HA1 substitutions T135K (resulting in the loss of a glycosylation site), S137F, A138S and F193S; and 3C.2a1b.**2a** (also called T131K-A) with HA1 substitutions K83E, Y94N and T131K. The **2a** HA genes continue to diversify and formed 2 subgroups referred to as **2a1**, with additional HA1 substitutions G186S, F193S, Y195F and S198P, and **2a2** with additional HA1 substitutions Y159N, T160I (resulting in the loss of a glycosylation site), L164Q, G186D, D190N, F193S and Y195F. **1a** viruses were detected in west African countries (Côte d'Ivoire, Ghana and Togo) as well as in Sweden and the Philippines. More recent **2a1** viruses were also detected in south-east Asia (Cambodia, Lao People's Democratic Republic, Thailand and Timor-Leste), Japan and Australia. **2a2** viruses, which represented the largest proportion during this period, were found in south Asia (India and Nepal), south-east Asia (Singapore and the Philippines), the Middle East (Qatar, Saudi Arabia and United Arab Emirates), east Africa (Kenya), Oceania (Australia and New Zealand), North America (the United States of America) and Europe (Belgium, Norway, the Russian Federation, Sweden and the Netherlands). Two viruses with clade 3C.3a HA genes were detected in this period in Australia and the Philippines.

Antigenic characterization of A(H3N2) viruses was performed by HI and virus neutralization (VN) assays. Ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Hong Kong/45/2019-like viruses (**1b**; e.g. A/Darwin/726/2019), representing the cell/recombinant-based vaccine viruses for the NH 2020-21 and SH 2021 influenza seasons, recognized **1a** viruses well. Of the 2 new virus groups that have emerged, those in **2a1** were recognized less well and those in **2a2** were recognized poorly. Ferret antisera raised against egg-propagated A/Hong Kong/2671/2019-like viruses (**1b**), representing the egg-based vaccine viruses for the NH 2020-21 and SH 2021 influenza seasons, recognized all test viruses poorly.

In HI assays, viruses with HA genes belonging to 3C.2a1b subclades **1a** and **2a1** were recognized well by ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Cambodia/e0826360/2020 (NH 2021-22 **2a1** vaccine virus) while **2a2** viruses were recognized less well (*Table 1*). Ferret antisera raised against egg-propagated A/Cambodia/e0826360/2020 showed a similar pattern. In

Sur les 133 virus A(H1N1)pdm09 recueillis après janvier 2021 et soumis à une analyse génétique ou phénotypique, aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par les inhibiteurs de la neuraminidase. Sur les 124 virus A(H1N1)pdm09 analysés, un virus présentait une substitution d'acide aminé (E23K) au niveau de la polymérase acide, associée à une sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir.

Virus grippaux A(H3N2)

L'analyse phylogénétique du gène de l'hémagglutinine des virus A(H3N2) recueillis entre février et août 2021 a montré que la grande majorité d'entre eux appartenaient au clade génétique 3C.2a1b et à trois sous-clades: 3C.2a1b.**1a** (également appelé T135K-A) avec les substitutions T135K (entraînant la perte d'un site de glycosylation), A138S, G186D, D190N, F193S et S198P dans HA1; 3C.2a1b.**1b** (également appelé T135K-B) avec les substitutions T135K (entraînant la perte d'un site de glycosylation), S137F, A138S et F193S dans HA1; et 3C.2a1b.**2a** (également appelé T131K-A) avec les substitutions K83E, Y94N et T131K dans HA1. Les gènes **2a** de l'hémagglutinine continuent de se diversifier et ont formé 2 sous-groupes appelés **2a1**, qui présente les substitutions supplémentaires G186S, F193S, Y195F et S198P dans HA1, et **2a2**, qui présente les substitutions supplémentaires Y159N, T160I (entraînant la perte d'un site de glycosylation), L164Q, G186D, D190N, F193S et Y195F dans HA1. Des virus **1a** ont été détectés dans des pays d'Afrique de l'Ouest (Côte d'Ivoire, Ghana et Togo) ainsi qu'en Suède et aux Philippines. Des virus **2a1** plus récents ont également été détectés en Asie du Sud-Est (Cambodge, République démocratique populaire lao, Thaïlande et Timor-Leste), au Japon et en Australie. Des virus **2a2**, majoritaires au cours de cette période, ont été détectés en Asie du Sud (Inde et Népal), en Asie du Sud-Est (Philippines et Singapour), au Moyen-Orient (Arabie saoudite, Émirats arabes unis et Qatar), en Afrique de l'Est (Kenya), en Océanie (Australie et Nouvelle-Zélande), en Amérique du Nord (États-Unis d'Amérique) et en Europe (Belgique, Fédération de Russie, Norvège, Pays-Bas et Suède). Deux virus possédant des gènes de l'hémagglutinine du clade 3C.3a ont été détectés pendant cette période en Australie et aux Philippines.

La caractérisation antigénique des virus A(H3N2) a été réalisée au moyen d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination et de neutralisation virale. Les antisérum de furet dirigés contre des virus de type A/Hong Kong/45/2019 propagés en culture cellulaire (**1b**; par exemple A/Darwin/726/2019), qui représentent les virus vaccinaux préparés en culture cellulaire ou recombinants recommandés pour les saisons grippales NH 2020-21 et SH 2021, ont bien reconnu les virus **1a**. Parmi les 2 nouveaux groupes de virus qui sont apparus, ceux du groupe **2a1** ont été moins bien reconnus et ceux du groupe **2a2** ont été mal reconnus. Les antisérum de furet dirigés contre les virus de type A/Hong Kong/2671/2019 propagés sur œufs (**1b**), qui représentaient les virus vaccinaux préparés sur œufs recommandés pour les saisons grippales NH 2020-2021 et SH 2021, ont mal reconnu tous les virus testés.

Dans les épreuves d'inhibition de l'hémagglutination, les virus porteurs des gènes de l'hémagglutinine appartenant aux sous-clades **1a** et **2a1** du clade 3C.2a1b ont été bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus A/Cambodia/e0826360/2020 (virus vaccinal pour NH 2021-22 **2a1**) propagés en culture cellulaire, tandis que les virus **2a2** ont été moins bien reconnus (*Tableau 1*). Les antisérum de furet dirigés contre les

contrast, ferret antisera raised against **2a2** viruses, such as cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 or egg-propagated A/Darwin/9/2021, reacted well with **2a2** viruses but reacted poorly with **2a1**, **1a** and clade 3C.3a viruses (*Tableau 1*).

Human serology studies were conducted with serum panels as described above using HI and VN assays. When compared to titres against cell culture-propagated A/Hong Kong/45/2019-like vaccine viruses, post-vaccination GMTs of most serum panels were significantly reduced against the majority of cell culture-propagated **2a1** and **2a2** viruses. Reductions were less pronounced for **1a** and clade 3C.3a viruses.

Of 105 A(H3N2) viruses collected after January 2021 and examined by genetic or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced inhibition by neuraminidase inhibitors. Of 125 A(H3N2) viruses collected in this

virus A/Cambodia/e0826360/2020 propagés sur œufs ont donné des résultats similaires. En revanche, les antisérum de furet dirigés contre les virus **2a2**, tels que les virus A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire ou les virus A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs, ont bien réagi avec les virus **2a2** mais ont mal réagi avec les virus **2a1**, **1a** et les virus du clade 3C.3a (*Tableau 1*).

Des études sérologiques chez l'homme ont été menées au moyen d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination et de neutralisation virale en utilisant les batteries de sérum décrites ci-dessus. La moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination obtenue avec la plupart des batteries de sérum était significativement réduite pour la majorité des virus **2a1** et **2a2** propagés en culture cellulaire, par rapport aux titres d'anticorps dirigés contre les virus vaccinaux de type A/Hong Kong/45/2019 propagés en culture cellulaire. Les réductions étaient moins prononcées pour les virus **1a** et ceux appartenant au clade 3C.3a.

Sur les 105 virus A(H3N2) recueillis après janvier 2021 et soumis à une analyse génétique ou phénotypique, aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par les inhibiteurs de la neuraminidase. Sur les 125 virus A(H3N2) recueillis pendant

Table 1 Antigenic analysis of A(H3N2) viruses – haemagglutination inhibition assay

Tableau 1 Analyse antigénique des virus A(H3N2) – épreuves d'inhibition de l'hémagglutination

Reference ferret antisera – Référence antisérum de furet								
		CELL	EGG	CELL	EGG	CELL	QMC*	EGG
		Darwin/ 726	Hong Kong/2671	Cambodia/ e0826360	Cambodia/ e0826360	Darwin/6	Darwin/11	Darwin/9
Passage	Clade	3C.2a1b. 1b	3C.2a1b. 2a1	3C.2a1b. 2a2	3C.2a1b. 2a2	3C.2a1b. 2a2	3C.2a1b. 2a2	3C.2a1b. 2a2
A/Darwin/726/2019	SIAT2	3C.2a1b.1b	640	40	160	<40	<40	<40
A/Hong Kong/2671/2019	E9	3C.2a1b.1b	1280	640	80	160	80	80
A/Cambodia/e0826360/2020	SIAT2	3C.2a1b. 2a1	40	<40	320	40	<40	40
A/Cambodia/e0826360/2020	E5	3C.2a1b. 2a1	40	40	160	320	160	40
A/Darwin/6/2021	SIAT2	3C.2a1b. 2a2	<40	<40	40	80	640	160
A/Darwin/11/2021	QMC2	3C.2a1b. 2a2	40	<40	160	80	640	160
A/Darwin/9/2021	E4	3C.2a1b. 2a2	40	<40	160	160	640	320
Test antigens – Antigènes d'épreuve								
A/Philippines/1/2021	SIAT1	3C.2a1b.1a	320	<40	160	<40	<40	<40
A/Philippines/8/2021	SIAT1	3C.2a1b.1a	320	<40	160	<40	<40	<40
A/Yamagata/1/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a1	40	<40	320	40	<40	40
A/Darwin/17/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	40	80	640	160
A/Darwin/18/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	40	80	1280	160
A/Darwin/19/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	40	80	1280	160
A/Darwin/23/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	<40	40	320	80
A/Darwin/24/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	40	80	320	160
A/Nepal/NPWR-05637/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	80	40	160	160	320	320
A/Philippines/4/2021	SIAT1	3C.2a1b.2a2	<40	<40	160	80	640	160
A/Victoria/5/2021	SIAT2	3C.2a1b.2a2	<40	<40	40	80	320	160
A/Philippines/6/2021	SIAT1	3C.3a	<40	<40	40	<40	80	40

*Qualified Manufacturing Cell line (MDCK33016PF)

period, none showed evidence of reduced susceptibility to baloxavir.

Influenza B viruses

Globally, influenza B viruses of the B/Victoria/2/87 lineage accounted for 60% of the viruses typed during the period February through August 2021. No B/Yamagata/16/88 lineage viruses have been confirmed after March 2020.

HA gene sequences of characterized B/Victoria lineage viruses belonged to clade 1A, nearly all belonging to subclade 1A.3 (also called 1A(Δ3)B) which share a three amino acid deletion in HA1 (positions 162-164) and the substitution K136E. Viruses with HA genes encoding further substitutions of N150K, G184E, N197D (resulting in the loss of a glycosylation site) and R279K in HA1 have predominated (group 1A.3a), with 2 main subgroups having emerged. One subgroup had additional HA1 substitutions V220M and P241Q (3a1) which was seen almost exclusively in China, and the other had HA1 substitutions A127T, P144L and K203R (3a2) which was seen in Asia, Africa, Oceania, Europe and North America. While 3a1 viruses predominated in China earlier in 2021, the number and the proportion of 3a2 viruses have increased steadily over recent months to become predominant. 3a2 viruses have shown further genetic divergence with additional HA1 amino acid substitutions identified in viruses from certain geographic locations.

Post-infection ferret antisera raised against both cell culture- and egg-propagated B/Washington/02/2019-like (1A.3) viruses recognized 3a viruses poorly. Antisera raised against B/Sichuan-Jingyang/12048/2019-like viruses (3a1) inhibited viruses in this subgroup well but inhibited 3a2 viruses less well. Antisera raised against B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a2) inhibited viruses from this subgroup well but inhibited 3a1 viruses less well and B/Washington/02/2019-like viruses poorly (*Tableau 2*).

Serum panels from recipients of both NH 2020-2021 and SH 2021 vaccines described above, with one additional NH 2020-2021 serum panel from children, were used in human serology studies of B/Victoria lineage viruses. When compared to titres against cell culture-propagated B/Washington/02/2019-like vaccine virus, post-vaccination HI GMTs against some cell culture-propagated 3a1 viruses were significantly reduced. With the exception of sera from older adults, reductions in titres to many 3a2 viruses were observed in most other serum panels.

B/Yamagata lineage viruses with collection dates after March 2021 were not available for characterization and no serology studies were performed.

Of 1047 influenza B/Victoria lineage viruses collected after January 2021 and examined by genetic or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced inhibition by neuraminidase inhibitors. Of 617 B/Victoria lineage viruses collected in this period, none showed evidence of reduced susceptibility to baloxavir.

cette période, aucun n'a montré de signes de sensibilité réduite au baloxavir.

Virus de la grippe B

Au niveau mondial, les virus de la grippe B appartenant à la lignée B/Victoria/2/87 ont représenté 60% des virus typés pendant la période allant de février à août 2021. Aucun virus de la lignée B/Yamagata/16/88 n'a été confirmé après mars 2020.

Les séquences du gène de l'hémagglutinine des virus de la lignée B/Victoria caractérisés appartenaient au clade génétique 1A, et presque toutes au sous-clade 1A.3 (également appelé 1A(Δ3)B) qui présente une triple délétion d'acides aminés au niveau de HA1 (positions 162-164) et la substitution K136E. Les virus dont les gènes de l'hémagglutinine codent pour les substitutions supplémentaires N150K, G184E, N197D (entrant la perte d'un site de glycosylation) et R279K dans HA1 ont prédominé (groupe 1A.3a) et se répartissaient en 2 sous-groupes principaux: l'un portait les substitutions supplémentaires V220M et P241Q (3a1) au niveau de HA1, observées presque exclusivement en Chine, et l'autre portait les substitutions A127T, P144L et K203R (3a2) au niveau de HA1, observées en Asie, en Afrique, en Océanie, en Europe et en Amérique du Nord. Alors que les virus 3a1 prédominaient en Chine au début de l'année 2021, le nombre et la proportion de virus 3a2 ont augmenté régulièrement au cours des derniers mois et ces virus sont devenus prédominants. Les virus 3a2 présentent de nouvelles divergences génétiques avec des substitutions d'acides aminés supplémentaires au niveau de HA1 identifiées dans des virus provenant de certaines zones géographiques.

Les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus de type B/Washington/02/2019 (1A.3) propagés en culture cellulaire et sur œufs, ont mal reconnu les virus 3a. Les antisérum dirigés contre les virus de type B/Sichuan-Jingyang/12048/2019 (3a1) ont bien inhibé les virus de ce sous-groupe, mais ont moins bien inhibé les virus 3a2. Les antisérum dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a2) ont bien inhibé les virus de ce sous-groupe, mais ont moins bien inhibé les virus 3a1 et ont mal inhibé les virus de type B/Washington/02/2019 (*Tableau 2*).

Des batteries de sérum provenant de personnes ayant reçu les vaccins pour NH 2020-2021 et SH 2021 décrits ci-dessus, ainsi qu'une batterie supplémentaire de sérum NH 2020-2021 provenant d'enfants, ont été utilisées dans des études sérologiques chez l'homme portant sur les virus de la lignée B/Victoria. La moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre certains virus 3a1 propagés en culture cellulaire, obtenue par inhibition de l'hémagglutination, était significativement réduite par rapport à celle des titres d'anticorps dirigés contre les virus vaccinaux de type B/Washington/02/2019 propagés en culture cellulaire. Des titres réduits ont été observés pour de nombreux virus 3a2 avec la plupart des batteries de sérum, à l'exception des séums provenant d'adultes âgés.

Aucun virus de la lignée B/Yamagata recueilli après mars 2021 n'était disponible pour la caractérisation et aucune étude sérologique n'a été réalisée.

Sur les 1047 virus de la lignée B/Victoria recueillis après janvier 2021 et soumis à une analyse génétique ou phénotypique, aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par les inhibiteurs de la neuraminidase. Sur les 617 virus de la lignée B/Victoria recueillis pendant cette période, aucun n'a montré de signes de sensibilité réduite au baloxavir.

Table 2 Antigenic analysis of influenza B/Victoria lineage viruses – haemagglutination inhibition assay
 Tableau 2 Analyse antigénique des virus grippaux de lignée B/Victoria – épreuves d'inhibition de l'hémagglutination

Reference antigens – Antigènes de référence	Passage	Clade/ subgroup – Clades/sous-groupe	Reference ferret antisera – Référence antisérum de furet					Collection date – Date de collecte
			CELL	CELL	EGG	CELL	EGG	
			B/Washington/02/2019	B/Sichuan-Jingyang/12048/2019	B/Austria/1359417/2021			
B/Washington/02/2019	MDCK4	1A.3	160	160	80	40	20	
B/Sichuan-Jingyang/12048/2019	MDCK3	1A.3a1	80	1280	1280	160	160	
B/Sichuan-Jingyang/12048/2019	E3	1A.3a1	80	>2560	>2560	160	320	
B/Austria/1359417/2021	MDCK7	1A.3a2	80	640	640	1280	>2560	
B/Austria/1359417/2021	E3	1A.3a2	80	320	640	1280	>2560	
Test antigens – Antigènes d'épreuve								
B/Hubei-Wujiagang/1299/2021	MDCK3	1A.3a1	80	>2560	1280	160	160	2021-03-18
B/Henan-Shanyang/37/2021	MDCK3	1A.3a1	80	>2560	1280	160	320	2021-03-29
B/Fujian-Zhangpu/34/2021	MDCK3	1A.3a1	80	>2560	1280	160	320	2021-03-22
B/Côte d'Ivoire/1063/2020	MDCK5	1A.3a2	40	640	320	640	1280	2021-01-25
B/Singapore/WUH4855/2021	MDCK1	1A.3a2	40	320	640	640	1280	2021-06-20
B/Gansu-Baiyin/1281/2021	MDCK3	1A.3a2	<20	320	640	640	1280	2021-04-13
B/Henan-Xigong/1118/2021	MDCK3	1A.3a2	40	640	640	1280	>2560	2021-02-17
B/Gansu-Chengguan/1515/2021	MDCK3	1A.3a2	<20	320	640	1280	640	2021-03-30
B/Singapore/WUH4618/2021	MDCK1	1A.3a2	40	640	640	1280	>2560	2021-06-18
B/Victoria/2/2021	MDCK1	1A.3a2	80	640	640	1280	>2560	2021-07-08
B/Philippines/6/2021	MDCK1	1A.3a2	40	640	640	1280	>2560	2021-06-14
B/Philippines/8/2021	MDCK1	1A.3a2	80	640	320	1280	1280	2021-07-05

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022 southern hemisphere influenza season

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses collected in the period February through August 2021 had HA genes that fell into two groups, 6B.1A5A1 and 6B.1A5A2. Of these, 6B.1A5A1 viruses had predominated since February 2021, and 6B.1A5A2 viruses have been detected recently. Ferret antisera raised against the SH 2021 vaccine viruses (egg-propagated A/Victoria/2570/2019 and cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019) inhibited 6B.1A5A1 viruses poorly, but 6B.1A5A2 viruses well. Human serology assays showed no significant reduction of post-vaccination GMTs against recently circulating 6B.1A5A1 and 6B.1A5A2 viruses.

Most A(H3N2) viruses collected in the period February through August 2021 had HA genes that belonged to genetic groups 3C.2a1b.2a1 and 3C.2a1b.2a2. The majority of recently circulating viruses were 3C.2a1b.2a2 and were poorly recognized by ferret antisera raised against cell- and egg-propagated reference viruses representing the A(H3N2) vaccine components of the SH 2021 influenza season. However, ferret antisera raised against

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud

Les virus de la grippe A(H1N1)pdm09 recueillis entre février et août 2021 portaient des gènes de l'hémagglutinine qui se répartissaient en deux groupes: 6B.1A5A1 et 6B.1A5A2. Les virus 6B.1A5A1 prédominaient depuis février 2021, et les virus 6B.1A5A2 ont été détectés récemment. Les antiséums de furet dirigés contre les virus vaccinaux recommandés pour la saison grippale SH 2021 (A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs et A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire) ont faiblement inhibé les virus 6B.1A5A1, mais ont bien inhibé les virus 6B.1A5A2. Les études sérologiques chez l'homme n'ont mis en évidence aucune réduction significative de la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus 6B.1A5A1 et 6B.1A5A2 récemment en circulation.

La plupart des virus A(H3N2) recueillis entre février et août 2021 possédaient des gènes de l'hémagglutinine qui appartenaient aux groupes génétiques 3C.2a1b.2a1 et 3C.2a1b.2a2. La majorité des virus récemment en circulation étaient des virus 3C.2a1b.2a2 qui ont été mal reconnus par les antiséums de furet dirigés contre les virus de référence propagés en culture cellulaire et sur œufs, représentant les composants du vaccin A(H3N2) recommandé pour la saison grippale SH 2021. Toutefois, les antiséums de furet

The WHO recommends that quadrivalent vaccines for use in the 2022 southern hemisphere influenza season contain the following:

Egg-based vaccines

- an A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus;
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus; and
- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

Cell- or recombinant-based vaccines

- an A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus;
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus; and
- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

The WHO recommends that trivalent vaccines for use in the 2022 southern hemisphere influenza season contain the following:

Egg-based vaccines

- an A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

Cell- or Recombinant-based vaccines

- an A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus

L'OMS recommande que les vaccins quadrivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud contiennent les virus suivants:

Vaccins contenant des virus préparés sur œufs

- un virus de type A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/9/2021 (H3N2);
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria); et
- un virus de type B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

Vaccins contenant des virus préparés en culture cellulaire ou recombinants

- un virus de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/6/2021 (H3N2);
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria); et
- un virus de type B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

L'OMS recommande que les vaccins trivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2022 dans l'hémisphère Sud contiennent les virus suivants:

Vaccins contenant des virus préparés sur œufs

- un virus de type A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/9/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

Vaccins contenant des virus préparés en culture cellulaire ou recombinants

- un virus de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/6/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

3C.2a1b.2a2 viruses, such as cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 or egg-propagated A/Darwin/9/2021, inhibited 3C.2a1b.2a2 test viruses well. Human serology assays showed post-vaccination GMTs were significantly reduced against circulating 3C.2a1b.2a1 and 3C.2a1b.2a2 viruses.

All influenza B viruses collected in the period February through August 2021 were of the B/Victoria/2/87 lineage. Most recent viruses belonged to the antigenically distinct 1A.3a1 (V220M and P241Q) or 1A.3a2 (A127T,

dirigés contre les virus 3C.2a1b.2a2, tels que les virus A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire ou les virus A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs, ont bien inhibé les virus 3C.2a1b.2a2 testés. Les études sérologiques chez l'homme ont mis en évidence une réduction significative de la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus 3C.2a1b.2a1 et 3C.2a1b.2a2 en circulation.

Tous les virus de la grippe B recueillis entre février et août 2021 appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. Les virus les plus récents appartenaient aux groupes, distincts sur le plan antigénique, 1A.3a1 (V220M et P241Q) ou 1A.3a2 (A127T, P144L et

P144L and K203R) groups, with the latter showing a wider geographic spread. The great majority of these viruses showed reductions in inhibition by post-infection ferret antisera raised against both cell culture- and egg-propagated 1A.3 viruses, such as the current vaccine virus B/Washington/02/2019. Post-infection ferret antisera raised to B/Austria/1359417/2021-like viruses (1A.3a2) inhibited viruses from this group well. Human serology assays showed significant reduction of post-vaccination GMTs against 1A.3a1 and 1A.3a2 viruses. No B/Yamagata lineage viruses were available for characterization.

Lists of prototype viruses for egg-propagated, cell culture-propagated and recombinant-based vaccines together with candidate vaccine viruses (CVVs) suitable for use in human vaccine production are available on the WHO website.⁴ A list of reagents for vaccine standardization, including those for this recommendation, can also be found on the WHO website.

National or regional authorities approve the composition and formulation of vaccines used in each country. National public health authorities are responsible for making recommendations regarding the use of the vaccine. WHO has published recommendations on the prevention of influenza.⁵

CVVs (including reassortants) and reagents for use in the laboratory standardization of inactivated vaccines may be obtained from:

- Biotherapeutics Section, Laboratories Branch, Medical Devices and Product Quality Division, Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden, ACT, 2606, Australia (email: influenza.reagents@health.gov.au; website: <http://www.tga.gov.au>)
- Division of Virology, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (fax: +441707641050, email: enquiries@nibsc.org), website: http://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource.aspx)
- Division of Biological Standards and Quality Control, Center for Biologics Evaluation and Research, Food and Drug Administration, 10903 New Hampshire Avenue, Silver Spring, Maryland, 20993, the United States of America (email: cbershippingrequests@fda.hhs.gov)
- Centre for Influenza and Respiratory Virus Research, National Institute of Infectious Diseases, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japan (fax: +81425616156, email: flu-vaccine@nih.go.jp)

Requests for reference viruses should be addressed to:

K203R), ce dernier ayant été détecté dans une plus large zone géographique. La grande majorité de ces virus présentait une réduction de l'inhibition par les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus 1A.3 propagés en culture cellulaire et sur œufs, tels que le virus vaccinal actuel B/Washington/02/2019. Les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (1A.3a2) ont bien inhibé les virus de ce groupe. Les études sérologiques chez l'homme ont mis en évidence une réduction significative de la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus 1A.3a1 et 1A.3a2. Aucun des virus de la lignée B/Yamagata n'était disponible pour la caractérisation.

La liste des virus prototypes propagés sur œufs, en culture cellulaire et recombinants, ainsi que les virus vaccinaux candidats se prêtant à la production de vaccins humains sont disponibles sur le site Web de l'OMS.⁴ Une liste des réactifs destinés à la standardisation des vaccins, y compris ceux qui sont concernés par la présente recommandation, est également publiée sur le site Web de l'OMS.

Les autorités nationales ou régionales approuvent la composition et la formulation des vaccins utilisés dans chaque pays. Les autorités nationales de santé publique sont chargées de formuler des recommandations concernant l'utilisation de ces vaccins. L'OMS a publié des recommandations relatives à la prévention de la grippe.⁵

Les virus vaccinaux candidats (y compris réassortis) et les réactifs nécessaires à la standardisation en laboratoire des vaccins inactivés peuvent être obtenus auprès des organismes suivants:

- Biotherapeutics Section, Laboratories Branch, Medical Devices and Product Quality Division, Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden, ACT, 2606 Australie (courriel: influenza.reagents@health.gov.au; site Web: <http://www.tga.gov.au>)
- Division of Virology, National Institute for Biological Standards and Control, un centre de la Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord (télécopie: +441707641050, courriel: enquiries@nibsc.org, site Web: http://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource.aspx)
- Division of Biological Standards and Quality Control, Center for Biologics Evaluation and Research, Food and Drug Administration, 10903 New Hampshire Avenue, Silver Spring, Maryland, 20993, États-Unis d'Amérique (courriel: cbershippingrequests@fda.hhs.gov)
- Centre de recherche sur les virus grippaux et respiratoires, Institut national des maladies infectieuses, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (télécopie: +81425616156, courriel: flu-vaccine@nih.go.jp)

Les souches de référence peuvent être obtenues en s'adressant aux organismes suivants:

⁴ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses> <https://www.who.int/groups/strategic-advisory-group-of-experts-on-immunization/>

⁵ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>

⁴ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses> <https://www.who.int/groups/strategic-advisory-group-of-experts-on-immunization/>

⁵ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>

- WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, VIDRL, Peter Doherty Institute, 792 Elizabeth Street, Melbourne, Victoria 3000, Australia (fax: +61393429329, email: whoflu@influenzacentre.org, website: <http://www.influenzacentre.org>).
- WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute of Infectious Diseases, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japan (fax: +81425616149 or +81425652498, email: whocc-flu@nih.go.jp).
- WHO Collaborating Centre for Surveillance, Epidemiology and Control of Influenza, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, Mail Stop H17-5, Atlanta, GA 30329, the United States of America (fax: +14046390080, email: influenzavirussurveillance@cdc.gov, website: <http://www.cdc.gov/flu/>)
- WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, The Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (tel: +44 203 796 1520 or +44 203 796 2444, email: whocc@crick.ac.uk, website: <https://www.crick.ac.uk/research>)
- WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute for Viral Disease Control and Prevention, China CDC, 155 Changbai Road, Changping District, 102206, Beijing, China. (tel: +86 10 5890 0851, fax: +86 10 5890 0851, email: whocc-china@cnic.org.cn, website: <http://www.chinaivdc.cn/cnic/en>)

WHO provides fortnightly updates⁶ of global influenza activity. Other information about influenza surveillance can be found on the WHO Global Influenza Programme website.⁶

Acknowledgements

The WHO recommendation on vaccine composition is based on the year-round work of the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS). We thank the National Influenza Centres (NICs) of GISRS, and non-GISRS laboratories including the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU), who contributed information, clinical specimens, viruses and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for their in-depth characterization and comprehensive analysis of viruses; University of Cambridge for performing antigenic cartography and phylogenetic analysis; WHO Essential Regulatory Laboratories of GISRS for their complementary virus analyses and contributions from a regulatory perspective; and laboratories involved in the production of high growth/yield reassortants as candidate vaccine viruses. We also acknowledge the Global Initiative for Sharing All Influenza Data (GISAID) for the EpiFlu database and other sequence databases which were used to share gene sequences and associated information; modelling groups for virus fitness forecasting; and the Global Influenza Vaccine Effectiveness (GIVE) Collaboration for sharing estimates of influenza vaccine effectiveness on a confidential basis. ■

- Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, VIDRL, Peter Doherty Institute, 792 Elizabeth Street, Melbourne, Victoria 3000, Australie (télécopie: +61393429329; courriel: whoflu@influenzacentre.org; site Web: <http://www.influenzacentre.org>)
- Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, Institut national des maladies infectieuses, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (télécopie: +81425616149 ou +81425652498, courriel: whocc-flu@nih.go.jp)
- Centre collaborateur OMS chargé de la surveillance, de l'épidémiologie et de la lutte contre la grippe, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, Mail Stop H17-5, Atlanta, GA 30329, États-Unis d'Amérique (télécopie: +14046390080, courriel: influenzavirussurveillance@cdc.gov; site Web: <http://www.cdc.gov/flu/>)
- Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, The Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord (téléphone: +442037961520 ou +442037962444; courriel: whocc@crick.ac.uk; site Web: <https://www.crick.ac.uk/research>)
- Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, Institut national de lutte contre les maladies virales, CDC de Chine, 155 route de Changbai, district de Changping, 102206, Beijing, Chine (téléphone: +861058900851; télécopie: +861058900851; courriel: whocc-china@cnic.org.cn; site Web: <http://www.chinaivdc.cn/cnic/en>)

L'OMS fournit des mises à jour bimensuelles⁶ sur l'activité de la grippe dans le monde. D'autres informations relatives à la surveillance de la grippe peuvent être obtenues sur le Web du Programme mondial de lutte contre la grippe.⁶

Remerciements

Les recommandations sur la composition des vaccins formulées par l'OMS reposent sur le travail accompli tout au long de l'année par le Système mondial OMS de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS). Nous remercions les centres nationaux de lutte contre la grippe du GISRS, ainsi que les laboratoires non-membres du GISRS, notamment ceux du Réseau d'experts sur la grippe animale (OFFLU) de l'OIE/FAO, qui ont fourni des informations, des échantillons cliniques, des virus et d'autres données associées; les centres collaborateurs OMS du GISRS pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus; l'Université de Cambridge pour son travail de cartographie antigénique et d'analyse phylogénétique; les laboratoires essentiels de réglementation OMS du GISRS pour leurs analyses complémentaires des virus et leurs contributions d'ordre réglementaire; et les laboratoires participant à la production de virus réassortis à forte capacité de croissance/rendement destinés à servir de virus vaccinaux candidats. Nous tenons également à remercier l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe (GISAID) pour la base de données EpiFlu et d'autres banques de données qui ont permis le partage des séquences génétiques et d'informations associées; les groupes de modélisation produisant des prévisions sur l'adéquation des virus; et le consortium Global Influenza Vaccine Effectiveness (GIVE) qui a fourni à titre confidentiel des estimations de l'efficacité des vaccins antigrippaux. ■

⁶ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

⁶ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>