



Organisation mondiale de la Santé

Weekly epidemiological record

Relevé épidémiologique hebdomadaire

18 OCTOBER 2019, 94th YEAR / 18 OCTOBRE 2019, 94^e ANNÉE

No 42, 2019, 94, 473–496

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

Contents

- 473 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2020 southern hemisphere influenza season
- 485 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

Sommaire

- 473 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2020 dans l'hémisphère Sud
- 485 Caractéristiques génétiques et antigeniques des virus zootropiques de la grippe A et mise au point de virus vaccinaux candidats en vue de la préparation à une pandémie

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2020 southern hemisphere influenza season

September 2019

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 forthcoming southern hemisphere 2020 influenza season. A recommendation will be made in February 2020 relating to vaccines that will be used for the northern hemisphere 2020–2021 influenza season. For countries in tropical and subtropical regions, WHO guidance for choosing between the northern and southern hemisphere formulations is available on the WHO Global Influenza Programme website.³

Seasonal influenza activity

Between February and September 2019, influenza activity was reported globally, with influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and both lineages of influenza B viruses co-circulating.

In the temperate zone of the northern hemisphere, influenza activity declined from February to April and remains at inter-seasonal levels in most countries. Influenza A(H1N1)pdm09 was the predominant type A virus in most countries in northern and eastern Europe, northern Africa and Asia. Influenza A(H3N2) was the predominant type A

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2020 dans l'hémisphère Sud

Septembre 2019

En février et en septembre de chaque année, l'OMS convoque des consultations¹ pour recommander des virus destinés à entrer dans la composition des vaccins antigrippaux² pour les saisons grippales dans l'hémisphère Nord et l'hémisphère Sud, respectivement. La présente recommandation s'applique aux vaccins antigrippaux à utiliser pendant la saison grippale à venir dans l'hémisphère Sud (2020). Pour la saison grippale 2020-2021 dans l'hémisphère Nord, une recommandation sera émise en février 2020. Pour les pays des régions tropicales et subtropicales, l'OMS fournit des orientations, disponibles sur le site Web du Programme mondial de lutte contre la grippe, pour guider les choix entre les formulations destinées à l'hémisphère Nord et à l'hémisphère Sud.³

Activité grippale saisonnière

De février à septembre 2019, une activité grippale a été rapportée dans le monde entier, avec une cocirculation des virus grippaux A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et de virus appartenant aux 2 lignées grippales B.

Dans la zone tempérée de l'hémisphère Nord, l'activité grippale a régressé de février à avril et demeure à des niveaux intersaisonniers dans la plupart des pays. Le virus grippal A(H1N1)pdm09 a été le virus de type A prédominant dans la plupart des pays d'Europe septentrionale et orientale, d'Afrique du Nord et d'Asie. Le virus grippal A(H3N2) a prédominé dans le sud-ouest de l'Europe, l'Amé-

¹ See <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

² Description of the process of influenza vaccine virus selection and development available at: http://www.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf

³ Influenza in the tropics and sub-tropics: <http://www.who.int/influenza/vaccines/tropics/en/>

¹ Voir <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

² La description du processus de sélection et de mise au point des virus grippaux vaccinaux est disponible à l'adresse: http://www.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf.

³ Influenza in the tropics and sub-tropics (en anglais): <http://www.who.int/influenza/vaccines/tropics/en/>

virus in south-western Europe, North America and some countries in Asia. Influenza B viruses, of both B/Victoria/2/87 and B/Yamagata/16/88 lineages, circulated in considerably lower proportions than influenza A viruses in most countries. In China influenza A(H1N1)pdm09 viruses predominated followed by influenza B and A(H3N2) viruses.

Influenza activity in the tropical and subtropical countries of Africa was generally low with predominance of influenza A(H3N2) viruses followed by influenza B (mostly B/Victoria lineage) and A(H1N1)pdm09 viruses. In tropical countries of Asia, influenza A(H1N1)pdm09 viruses predominated followed by influenza B (mostly B/Victoria lineage) and influenza A(H3N2) viruses. In tropical countries of South America, the Caribbean and Central America, influenza A and influenza B viruses co-circulated. Influenza A(H1N1)pdm09 viruses circulated in higher proportions than A(H3N2) and influenza B/Yamagata lineage viruses circulated in higher proportion than B/Victoria lineage viruses.

In the temperate zone of the southern hemisphere, influenza activity increased from May to July. In the southern cone of South America, influenza A(H1N1)pdm09 viruses was predominant followed by A(H3N2) and influenza B with co-circulation of both lineage viruses. In South Africa, influenza A(H3N2) was predominant with very few detections of A(H1N1)pdm09 and influenza B viruses. Influenza activity was moderate to high in Australia with mainly influenza A(H3N2) and influenza B (mostly B/Victoria/87 lineage). Overall, influenza activity in the southern hemisphere declined since August, though there has been continued circulation of influenza B viruses in Chile (*Map 1*).

Influenza A

Influenza A viruses were predominant in most countries during this period, including countries in Africa, North America, central America, temperate and tropical South America, Europe, Asia and Oceania. Globally, co-circulation of both A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses was evident in all countries, areas and territories. Influenza A(H1N1)pdm09 viruses circulated in higher proportions in most countries in northern, eastern and central Africa, central, south-eastern and western Asia, northern Europe and central America. Influenza A(H3N2) viruses circulated in higher proportions in some countries in Oceania, southern and western Africa, tropical regions of South America including the Caribbean, North America and south-western Europe.

Influenza B

Influenza B viruses circulated at much lower frequency than influenza A viruses in most countries in Europe, southern and western Africa and the Americas. By contrast, influenza B circulated in higher proportions than influenza A in most countries in south east Asia, and there was increased influenza B activity in some countries in the southern cone of South America

rique du Nord et certains pays d'Asie. Des virus grippaux B des deux lignées, B/Victoria/2/87 et B/Yamagata/16/88, ont circulé en proportions considérablement plus faibles que les virus grippaux A dans la plupart des pays. En Chine, les virus grippaux A(H1N1)pdm09 ont été prédominants, suivis des virus grippaux B et A(H3N2).

Dans les pays tropicaux et subtropicaux d'Afrique, l'activité grippale était généralement faible, avec une prédominance des virus grippaux A(H3N2), suivis des virus grippaux B (principalement de la lignée B/Victoria) et A(H1N1)pdm09. Dans les pays tropicaux d'Asie, les virus grippaux A(H1N1)pdm09 étaient prédominants, suivis des virus de la grippe B (principalement de la lignée B/Victoria) et des virus grippaux A(H3N2). Dans les pays tropicaux d'Amérique du Sud, des Caraïbes et d'Amérique centrale, les virus grippaux A et B ont cocirculé. Les virus grippaux A(H1N1)pdm09 ont circulé en plus fortes proportions que les virus A(H3N2), et les virus de la lignée B/Yamagata ont également circulé en plus fortes proportions que ceux de la lignée B/Victoria.

Dans la zone tempérée de l'hémisphère Sud, l'activité grippale a augmenté de mai à juillet. Dans le cône sud de l'Amérique du Sud, les virus grippaux A(H1N1)pdm09 ont occupé d'abord une place prédominante, suivis des virus grippaux A (H3N2) et B, avec une cocirculation des deux lignées virales. En Afrique du Sud, la grippe A (H3N2) prédominait, avec très peu de détections de virus grippaux A(H1N1)pdm09 et B. L'activité grippale a été de modérée à forte en Australie, avec principalement des virus grippaux A(H3N2) et B (essentiellement de la lignée B/Victoria/87). Globalement, l'activité grippale dans l'hémisphère Sud a régressé depuis le mois d'août, même si une circulation de virus grippaux B s'est maintenue au Chili (*Carte 1*).

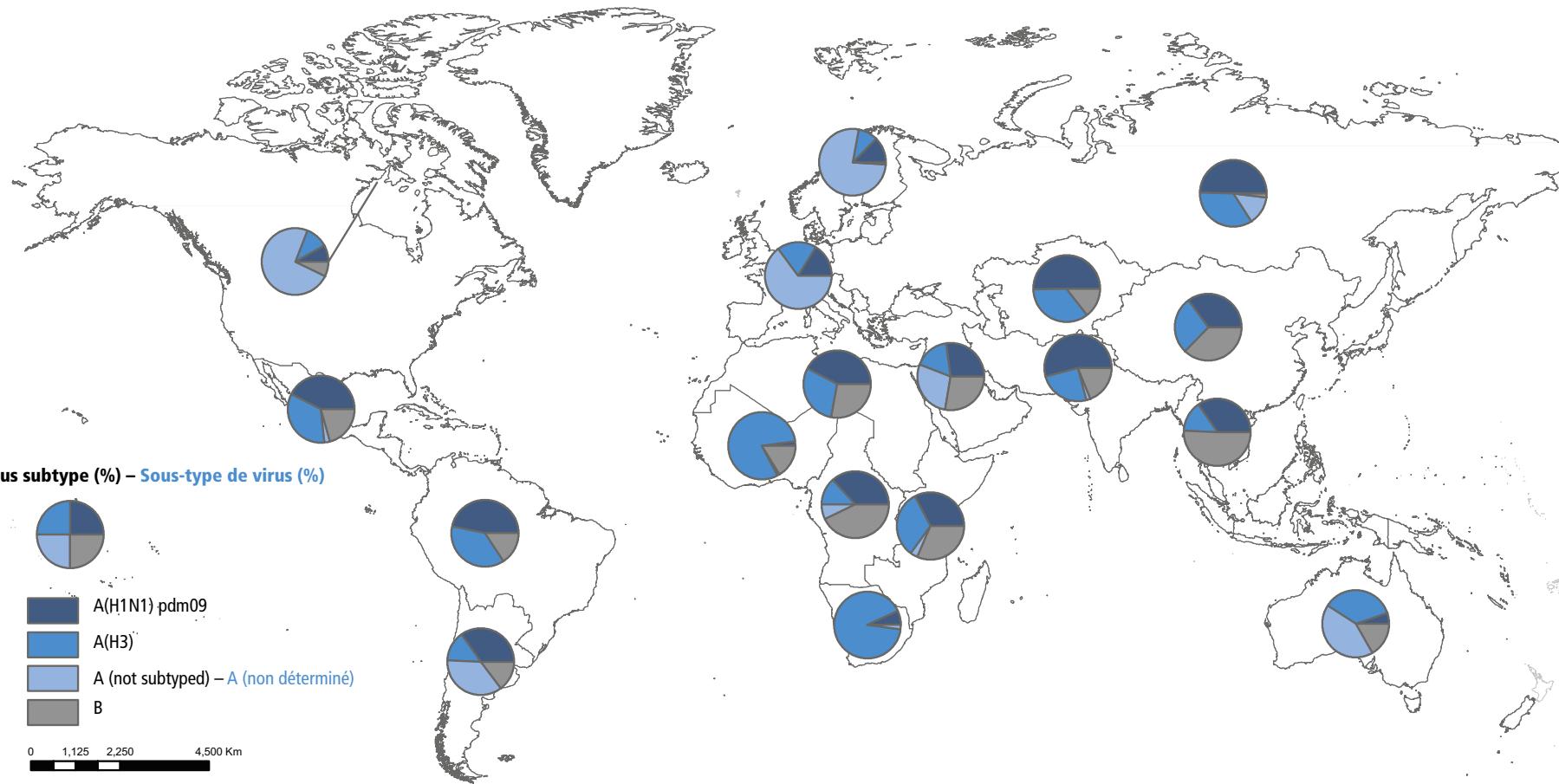
Grippe A

Les virus grippaux A ont été prédominants dans la plupart des pays pendant cette période, y compris dans certains pays d'Afrique, d'Amérique du Nord, d'Amérique centrale, des zones tempérées et tropicales d'Amérique du Sud, d'Europe, d'Asie et d'Océanie. À l'échelle mondiale, une cocirculation des virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) s'opérait de façon manifeste dans tous les pays, toutes les zones et tous les territoires. Les virus grippaux A(H1N1)pdm09 ont circulé en plus fortes proportions dans la plupart des pays du nord, de l'est et du centre de l'Afrique, dans le centre, le sud-est et l'ouest de l'Asie, en Europe du Nord et en Amérique centrale. Les virus grippaux A(H3N2) ont circulé en plus fortes proportions dans certains pays d'Océanie, dans le sud et l'ouest de l'Afrique, dans les régions tropicales de l'Amérique du Sud, y compris les Caraïbes, en Amérique du Nord et dans le sud-ouest de l'Europe.

Grippe B

Les virus de la grippe B ont circulé à une bien moindre fréquence que les virus grippaux A dans la plupart des pays d'Europe, dans le sud et l'ouest de l'Afrique et dans les Amériques. À l'inverse, la grippe B a circulé plus fortement que la grippe A dans la plupart des pays d'Asie du Sud-Est, et on a observé un accroissement de l'activité de la grippe B dans certains pays du cône sud de l'Amérique du Sud (en particulier

Map 1 Distribution of influenza-virus subtypes by influenza transmission zone, February-August 2019
 Carte 1 Répartition des sous-types de virus grippaux par zone de transmission de la grippe, février à août 2019



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), 18 September 2019. – Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS/Flunet (www.who.int/flunet), 18 septembre 2019.

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) 2019. All rights reserved. – © Organisation mondiale de la Santé (OMS) 2019. Tous droits réservés.

(especially Chile) from mid-August. Although both influenza B/Victoria and B/Yamagata lineage viruses co-circulated, B/Victoria lineage viruses predominated in most regions of the world. The exception was South America where there was higher circulation of B/Yamagata lineage viruses.

Detailed information by country of the extent and type of seasonal influenza activity worldwide is available on the WHO website.⁴

Zoonotic influenza infections caused by A(H5), A(H7N9), A(H9N2) and A(H1N1)v viruses

From 18 February 2019 to 24 September 2019, 1 human case of highly pathogenic avian influenza A(H5N6) virus infection was reported by China and 1 human case of A(H5N1) virus infection was reported by Nepal. Related viruses were present in poultry in these countries. Since December 2003, a total of 885 human cases of avian influenza A(H5) virus infection with 463 deaths have been confirmed in 17 countries. To date there has been no evidence of sustained human-to-human transmission.

During this period, 1 human case of highly pathogenic avian influenza A(H7N9) virus infection was reported by China. Since March 2013, a total of 1568 cases of A(H7N9) virus infection with 616 deaths have been reported. Both China and Oman each reported a single human case of avian influenza A(H9N2) virus infection during this period. Additionally, 1 case of A(H1N1)v virus infection was reported by the United States.

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

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses

Nearly all A(H1N1)pdm09 viruses had haemagglutinin (HA) gene sequences that belonged to phylogenetic clade 6B.1, represented by A/Michigan/45/2015. The vast majority fell into subclade 6B.1A, with the HA1 amino acid substitutions of S74R, S164T, S183P and I295V as seen in A/Brisbane/02/2018. Several genetic subgroups within 6B.1A circulated, with the majority of viruses sharing amino acid substitutions N129D and T185I. Although almost all recent A(H1N1)pdm09 viruses were well recognised in haemagglutination inhibition (HI) assays by post-infection ferret antisera raised against the 2019 southern hemisphere vaccine virus, egg-propagated A/Michigan/45/2015 and its cell culture-propagated equivalent, it was previously shown that many were recognised less well by post-vaccination human antisera. In HI assays with post-infection ferret antisera circulating viruses were antigenically like the egg-propagated A/Brisbane/02/2018 and cell culture-propagated A/Idaho/07/2018 vaccine viruses of the 2019–2020 northern hemisphere vaccines, except for a small number of

au Chili) à partir de la mi-août. Bien que les virus des lignées B/Victoria et B/Yamagata aient circulé pendant la même période, ceux de la lignée B/Victoria prédominaient dans la plupart des régions du monde. Seule exception à cette règle: l'Amérique du Sud, où l'on a constaté une circulation plus intense de virus de la lignée B/Yamagata.

Des informations détaillées par pays sur l'ampleur et le type de l'activité grippale saisonnière partout dans le monde sont disponibles sur le site Web de l'OMS.⁴

Infections grippales zoonotiques causées par les virus A(H5), A(H7N9), A(H9N2) et A(H1N1)v

Du 18 février 2019 au 24 septembre 2019, 1 cas humain d'infection par un virus grippal aviaire hautement pathogène A(H5N6) a été signalé en Chine et 1 cas humain d'infection par un virus grippal A(H5N1) a été rapporté au Népal. Des virus apparentés étaient présents chez les volailles dans ces pays. Depuis décembre 2003, 885 cas humains d'infection par un virus grippal aviaire A(H5) et 463 décès associés ont été confirmés au total dans 17 pays. À ce jour, il n'existe aucune preuve d'une transmission interhumaine soutenue.

Au cours de cette période, 1 cas humain d'infection par un virus de la grippe aviaire hautement pathogène A(H7N9) a été rapporté en Chine. Depuis mars 2013, 1568 cas d'infection par un virus A(H7N9), accompagnés de 616 décès, ont été signalés au total. La Chine et l'État d'Oman ont tous deux rapporté un cas humain unique d'infection par un virus grippal aviaire A(H9N2) sur cette même période. De plus, 1 cas d'infection par un virus A(H1N1)v a été signalé aux États-Unis.

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

Virus grippaux A(H1N1)pdm09

Presque tous les virus grippaux A(H1N1)pdm09 possédaient des séquences du gène de l'hémagglutinine (HA) qui les classaient dans le clade phylogénétique 6B.1, représenté par la souche A/Michigan/45/2015. La vaste majorité appartenait au sous-clade 6B.1A, caractérisé par les substitutions d'acides aminés S74R, S164T, S183P et I295V dans la sous-unité HA1, telles qu'observées sur la souche A/Brisbane/02/2018. Plusieurs sous-groupes génétiques inclus dans le sous-clade 6B.1A étaient en circulation, avec une majorité de virus ayant en commun les substitutions d'acides aminés N129D et T185I. Bien que la quasi-totalité des virus A(H1N1)pdm09 les plus récents soient bien reconnus dans les épreuves d'inhibition de l'hémagglutination (IH) par des antisérum de furet postinfection dirigés contre le virus vaccinal utilisé pour la saison 2019 dans l'hémisphère Sud, A/Michigan/45/2015 propagé sur œufs, et contre son équivalent propagé en culture cellulaire, il a été antérieurement démontré qu'un grand nombre de ces virus étaient moins bien reconnus par des antisérum humains postvaccination. Dans le cadre d'épreuves d'IH utilisant des antisérum de furet postinfection, les virus circulants se sont révélés analogues sur

⁴ See <http://www.who.int/influenza/resources/charts/en/>

⁴ Voir <http://www.who.int/influenza/resources/charts/en/>

viruses with HA1 amino acid substitutions at residues 155 or 156.

Human serology studies used serum panels from children, adults and elderly adults who had received either trivalent or quadrivalent inactivated vaccines with the composition used in the northern hemisphere 2018–2019 or southern hemisphere 2019 seasons. The 2018–2019 northern hemisphere vaccine contained A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09-like, A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2)-like, B/Colorado/06/2017-like viruses in trivalent vaccines, with B/Phuket/3073/2013-like virus included in quadrivalent vaccines. Southern hemisphere serum panels were taken from people who received vaccine containing A/Michigan/45/2015 (H1N1) pdm09-like, A/Switzerland/8060/2017 (H3N2)-like, and B/Phuket/3073/2013-like viruses in trivalent vaccines, and B/Colorado/06/2017-like viruses in quadrivalent vaccines. Geometric mean HI titres against many recent representative cell culture-propagated A(H1N1)pdm09 viruses with the HA1 amino acid substitution of S183P were reduced compared to HI titres to the cell culture-propagated reference virus A/Michigan/45/2015; reductions were more pronounced when measured against the egg-propagated vaccine virus.

Of 4626 influenza A(H1N1)pdm09 viruses tested for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility, 33 showed reductions in susceptibility to ≥ 1 of the inhibitors. Twenty-six viruses from 7 countries carried an H275Y amino acid substitution in the neuraminidase (NA), which conferred highly reduced inhibition by oseltamivir and peramivir. Seven viruses carried other amino acid substitutions in the NA, which conferred reduced inhibition to at least 1 NAI. One thousand two hundred and twenty-eight viruses were tested for susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir. Two viruses from patients treated with baloxavir in Japan were genotypically and phenotypically confirmed to have reduced susceptibility to this inhibitor.

Influenza A(H3N2) viruses

Phylogenetic analysis of A(H3N2) viruses collected from February to August 2019 showed that the majority of HA genes belonged to clade 3C.2a. However, there was regional heterogeneity, with clade 3C.3a viruses predominating in several countries. There was a significant increase in the proportion of viruses within the 3C.2a1b subclade, along with further genetic diversification of the HA and NA genes. Over this period there has been a continuing decrease in detection of 3C.2a2 subclade viruses. The majority of HA genes of recent viruses belonged to genetic subclade 3C.2a1b, with viruses having either T128A and T135K or T131K substitutions. Most recent A(H3N2) viruses sequenced belonged to the 3C.2a1b+T131K subgroup, but with the additional substi-

le plan antigénique aux souches vaccinales A/Brisbane/02/2018 propagée sur œufs et A/Idaho/07/2018 propagée en culture cellulaire, contenues dans le vaccin antigrippal pour la saison 2019–2020 de l'hémisphère Nord, à l'exception d'un petit nombre de virus comportant des substitutions d'acides aminés dans la sous-unité HA1 au niveau du résidu 155 ou 156.

Des études sérologiques humaines ont été menées sur des panels de sérums prélevés sur des enfants, des adultes et des personnes âgées ayant reçu un vaccin antigrippal trivalent ou quadrivalent inactivé ayant la composition utilisée pour la saison grippale 2018–2019 dans l'hémisphère Nord ou la saison 2019 dans l'hémisphère Sud. Le vaccin antigrippal pour la saison 2018–2019 dans l'hémisphère Nord contenait la souche A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09, la souche A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2) et la souche B/Colorado/06/2017 pour les vaccins trivalents, la souche B/Phuket/3073/2013 étant incluse en plus dans les vaccins quadrivalents. Des panels d'échantillons de sérums ont été prélevés dans l'hémisphère Sud chez des personnes ayant reçu un vaccin contenant les souches A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09, A/Switzerland/8060/2017 (H3N2) et B/Phuket/3073/2013 pour les vaccins trivalents, plus la souche B/Colorado/06/2017 pour les vaccins quadrivalents. Les moyennes géométriques des titres d'HI obtenus contre de nombreux virus A(H1N1)pdm09 récents et représentatifs propagés en culture cellulaire, comportant une substitution d'acides aminés S183P au niveau de la sous-unité HA1, étaient inférieurs aux titres d'HI obtenus contre le virus de référence A/Michigan/45/2015 propagé en culture cellulaire, cette infériorité étant encore plus prononcée lorsque la mesure était effectuée contre le virus vaccinal propagé sur œufs.

Sur les 4626 virus grippaux A(H1N1)pdm09 ayant subi un test de sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase (INA), 33 présentaient une sensibilité réduite à au moins un inhibiteur. Vingt-six virus, provenant de 7 pays, étaient porteurs d'une substitution d'acides aminés H275Y au niveau de la neuraminidase (NA), qui réduisait fortement leur inhibition par l'oseltamivir et le péramivir. Sept virus comportaient d'autres substitutions d'acides aminés sur la NA, qui leur conféraient une plus grande résistance à l'inhibition par au moins un INA. On a soumis 1228 virus à des tests de sensibilité à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir. Deux virus provenant de patients traités par le baloxavir au Japon ont présenté une diminution de la sensibilité à cet inhibiteur, confirmée d'un point de vue génotypique et phénotypique.

Virus grippaux A(H3N2)

L'analyse phylogénétique des virus A(H3N2) recueillis de février à août 2019 a montré que la majorité des gènes HA les rattachaient au clade 3C.2a. Il existait néanmoins une hétérogénéité régionale, avec une prédominance des virus du clade 3C.3a dans plusieurs pays. On a relevé une augmentation importante de la proportion de virus appartenant au sous-clade 3C.2a1b, en parallèle à une diversification génétique plus poussée des gènes codant pour HA et NA. Sur cette période, on a également constaté une diminution persistante de la détection de virus du sous-clade 3C.2a2. La majorité des gènes codant pour l'HA des virus récents classaient ces virus dans le sous-clade génétique 3C.2a1b, avec des virus comportant des substitutions T128A et T135K ou T131K. La plupart des virus A(H3N2) récents qui ont été séquencés appartenaient au sous-

tutions of Q197R and S219F in HA1 and V18M (V347M) and E155G in HA2 (E484G). Within the other major subgroup 3C.2a1b+128A+135K, viruses with additional substitutions at S137F, A138S and F193S in HA have been detected in increasing proportions in Bangladesh, China and Hong Kong Special Administrative Region of China and in smaller numbers, in other parts of the world.

Antigenic characterisation of clade 3C.2a viruses continued to be technically difficult because a large proportion of viruses did not agglutinate red blood cells, preventing HI analysis of such viruses. Virus neutralisation (VN) assays have become the preferred method for determining the antigenic characteristics of current A(H3N2) viruses.

In VN or HI assays, ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Switzerland/8060/2017 (3C.2a2) virus inhibited the few viruses found in this subclade well, but viruses from the predominant subclade 3C.2a1b, and clade 3C.3a, were poorly inhibited. Ferret antisera raised against egg-propagated A/Switzerland/8060/2017 or A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016-like (subclade 3C.2a1) viruses continued to poorly inhibit most of the recently circulating viruses. Ferret antisera raised against reference cell-grown viruses in subclades 3C.2a1 and 3C.2a2 or subgroup 3C.2a1b poorly inhibited genetic clade 3C.3a viruses. Likewise, ferret antisera raised against clade 3C.3a viruses propagated in cell culture, such as A/Kansas/14/2017 (the 2019–2020 northern hemisphere vaccine virus), inhibited clade 3C.3a viruses well but those in clade 3C.2a poorly. The majority of viruses from subgroups 3C.2a1b+131K and 3C.2a1b+128A+135K were well inhibited by ferret antisera raised against 3C.2a1b+131K viruses, including the cell reference virus A/South Australia/34/2019 and A/Iowa/60/2018. Ferret antisera raised against egg isolates of 3C.2a1b+131K viruses including A/South Australia/34/2019, inhibited recent 3C.2a1b viruses better than antisera raised to the previous vaccine viruses A/Switzerland/8060/2017 and A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (*Table 1*).

Human serology studies, using the serum panels described above, showed that geometric mean HI and VN titres of antibodies against most recent A(H3N2) viruses were reduced compared to HI and VN titres against the egg-propagated and cell-propagated vaccine viruses A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 and A/Switzerland/8060/2017.

One of 3424 influenza A(H3N2) viruses tested showed reduced inhibition by zanamivir. One thousand six hundred and twenty-seven A(H3N2) viruses were assessed for susceptibility to baloxavir by genetic and/or phenotypic analysis. Twelve viruses (1 from the United States and 11 from Japan) contained amino acid substitutions at residue 38 in the polymerase acidic which are known to confer reduced baloxavir susceptibility.

groupe 3C.2a1b+131K, mais avec des substitutions supplémentaires Q197R et S219F au niveau de la sous-unité HA1 et V18M (V347M) et E155G dans la sous-unité HA2 (E484G). Dans l'autre sous-groupe principal, 3C.2a1b+128A+135K, des virus porteurs de substitutions additionnelles S137F, A138S et F193S sur HA ont été détectés en proportions croissantes au Bangladesh, en Chine et dans la Région administrative chinoise de Hong Kong, et dans une moindre mesure dans d'autres parties du monde.

La caractérisation antigénique des virus du clade 3C.2a demeure techniquement difficile car un fort pourcentage de ces virus ne provoque pas l'agglutination des érythrocytes, ce qui empêche une analyse par inhibition de l'hémagglutination. L'épreuve de neutralisation virale est devenue la méthode privilégiée pour déterminer les caractéristiques antigéniques des virus A(H3N2) actuels.

Dans le cadre d'épreuves de neutralisation virale ou d'inhibition de l'hémagglutination, des antisérum de furet dirigés contre le virus A/Switzerland/8060/2017 (3C.2a2) propagé en culture cellulaire inhibaient correctement les quelques virus détectés qui appartenaient à ce sous-clade, mais les virus du sous-clade prédominant 3C.2a1b et du clade 3C.3a étaient peu inhibés. La plupart des virus récemment en circulation demeuraient médiocrement inhibés par des antisérum de furet obtenus contre la souche A/Switzerland/8060/2017 ou A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (sous-clade 3C.2a1) propagée sur œufs. Des antisérum de furet dirigés contre des virus de référence propagés en culture cellulaire appartenant aux sous-clades 3C.2a1 et 3C.2a2 ou au sous-groupe 3C.2a1b inhibaient de façon médiocre les virus du clade génétique 3C.3a. De manière analogue, des antisérum de furet obtenus contre des virus du clade 3C.3a propagés en culture cellulaire, tels que A/Kansas/14/2017 (le virus vaccinal pour la saison 2019–2020 dans l'hémisphère Nord), inhibaient correctement les virus du clade 3C.3a, mais plus médiocrement ceux du clade 3C.2a. La majorité des virus des sous-groupes 3C.2a1b+131K et 3C.2a1b+128A+135K étaient bien inhibés par des antisérum de furet dirigés contre des virus 3C.2a1b+131K, y compris les virus de référence propagés en culture cellulaire A/South Australia/34/2019 et A/Iowa/60/2018. Des antisérum de furet obtenus contre des isolats sur œufs de virus 3C.2a1b+131K, y compris le virus A/South Australia/34/2019, inhibaient les virus récents du clade 3C.2a1b mieux que des antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux précédents A/Switzerland/8060/2017 et A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (*Tableau 1*).

Des études sérologiques chez l'homme, réalisées avec les panels de sérum décrits ci-dessus, ont montré que la moyenne géométrique des titres d'IH et de neutralisation virale des anticorps dirigés contre les virus A(H3N2) les plus récents était inférieure à celle des titres d'IH et de neutralisation virale obtenus avec les virus vaccinaux A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 et A/Switzerland/8060/2017 propagés sur œufs et en culture cellulaire.

Parmi les 3424 virus grippaux A(H3N2) testés, 1 présentait une inhibition réduite par le zanamivir. Des analyses génétiques et/ou phénotypiques ont été effectuées sur 1627 virus A(H3N2) pour évaluer leur sensibilité au baloxavir. Douze virus, dont 1 provenant des États-Unis et 11 du Japon, présentaient des substitutions d'acides aminés au niveau du résidu 38 sur la protéine de polymérase acide, dont on sait qu'elles confèrent une sensibilité réduite au baloxavir.

Table 1 Antigenic analysis of A(H3N2) viruses – focus reduction neutralization assay
 Tableau 1 Analyse antigénique des virus A(H3N2) – épreuve de neutralisation par réduction des foyers

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	2	3	4	5	6	8	9	10	11	Date of sample reception – Date de réception des échantillon
		A8538-14D SIAT1 NEWC82 3c.2a1b + 131K	A8537-14D E4 NEWC82 3c.2a1b + 131K	A8659-14D SIAT3 STHAUS34 3c.2a1b + 131K	A8658-14D E5 STHAUS34 3c.2a1b + 131K	F4381-14D SIAT1 VIC653 3c.2a1b + 135K	A8401-14D SIAT2/SIAT1 SWITZ8060 3c.2a2re	A8336-14D E6 SWITZ8060 3c.2a2re	A/8585/14 S3, SIAT1 KANS14 3c.3a	A8493-14D E8 KANS14 3c.3a	
		Passage history – Historiques des passages									
A/Hong Kong/4801/2014	3c.2a	320	160	320	160	640	320	320	160	160	MDCKX, SIAT4
A/Newcastle/82/2018	3c.2a1b+131K	640	160	640	80	1280	320	160	80	80	SIAT2
A/Newcastle/82/2018	3c.2a1b+131K	640	5120	1280	5120	1280	640	2560	320	160	E4
A/South Australia/34/2019	3C.2a1b+131K	2560	1280	2560	320	5120	2560	1280	640	640	SIAT3
A/South Australia/34/2019	3C.2a1b+131K	640	2560	1280	5120	1280	1280	2560	160	80	E5
A/Victoria/653/2017	3c.2a1b+135K	640	640	1280	320	5120	640	320	640	320	SIAT1
A/Victoria/653/2017	3c.2a1b+135K	320	320	640	320	10240	640	1280	320	320	E5
A/Switzerland/8060/2017	3c.2a2re	320	160	640	160	1280	1280	1280	80	80	SIAT2 SIAT2
A/Switzerland/8060/2017	3c.2a2re	640	640	640	160	2560	10240	10240	320	320	E6
A/Kansas/14/2017	3c.3a	160	320	320	160	640	160	320	1280	640	S3, SIAT1
A/Kansas/14/2017	3c.3a	160	160	160	160	640	160	160	1280	5120	E8
Test Antigens											
A/Darwin/593/2019		2560	1280	5120	320	5120	5120	1280	640	640	SIAT1 10.06.2019
A/Nakhonphanom/537/2019		2560	1280	5120	640	5120	5120	2560	1280	1280	SIAT1 07.05.2019
A/Sydney/164/2019		2560	1280	5120	640	5120	5120	1280	1280	2560	SIAT2 27.06.2019
A/Christchurch/522/2019		2560	2560	2506	640	5120	2560	1280	640	640	SIAT2 02.06.2019
A/South Australia/348/2019		1280	640	10240	320	5120	2560	640	1280	1280	SIAT2 01.07.2019
A/Victoria/1014/2019		1280	640	2560	320	5120	2560	640	320	320	SIAT1 09.07.2019
A/Victoria/157/2019		2560	1280	2560	320	5120	2560	1280	640	320	SIAT2 01.07.2019
A/Victoria/197/2019		1280	640	1280	160	5120	2560	640	320	320	SIAT2 04.06.2019
A/Victoria/206/2019		1280	640	2560	320	5120	2560	1280	640	640	SIAT2 25.07.2019
A/Canberra/217/2019		1280	640	2560	640	5120	1280	640	320	640	SIAT2 03.05.2019
A/Chanthaburi/2377/2019		2560	640	2560	160	5120	1280	640	160	160	SIAT1 05.05.2019

Table 1 (*continued*)
Tableau 1 (*suite*)

Reference antigens – Antigènes de référence		2	3	4	5	6	8	9	10	11	Date of sample reception – Date de réception des échantillon
	Clade	A8538-14D SIAT1 NEWC82 3c.2a1b + 131K	A8537-14D E4 NEWC82 3c.2a1b + 131K	A8659-14D SIAT3 STHAUS34 3c.2a1b + 131K	A8658-14D E5 STHAUS34 3c.2a1b + 131K	F4381-14D SIAT1 VIC653 3c.2a1b + 135K	A8401-14D SIAT2/SIAT1 SWITZ8060 3c.2a2re	A8336-14D E6 SWITZ8060 3c.2a2re	A/8585/14 S3, SIAT1 KANS14 3c.3a	A8493-14D E8 KANS14 3c.3a	
A/Sydney/134/2019	3c.3a	320	640	640	640	2560	1280	640	5120	5120	MDCK-Siat, SIAT1 02.07.2019
A/Victoria/130/2019		1280	1280	5120	640	5120	1280	2560	1280	1280	SIAT2 02.07.2019
A/Victoria/199/2019		1280	320	1280	160	2560	1280	320	320	320	SIAT2 26.07.2019
A/Victoria/203/2019		1280	1280	2560	320	5120	1280	640	320	320	SIAT2 30.07.2019
A/Victoria/205/2019		1280	640	1280	160	2560	1280	640	160	160	SIAT2 23.07.2019
A/Victoria/2514/2019		2560	1280	1280	640	5120	1280	1280	320	640	SIAT3 25.07.2019
A/South Australia/1070/2019		640	640	1280	160	2560	640	640	160	160	SIAT1 09.05.2019
A/Victoria/112/2019		640	160	1280	80	2560	640	320	80	80	SIAT1 13.07.2019
A/South Australia/4/2019	3c.2a1b+135K	640	320	640	160	2560	320	320	320	320	SIAT1 01.01.2019
A/Cambodia/d0619386/2019	3c.2a1b+131K	640	320	640	160	1280	320	320	160	160	Siat 2, SIAT1 04.01.2019
A/Singapore/GP0866/2019		1280	640	2560	160	2560	320	640	320	320	MDCK2, SIAT1 13.06.2019
A/Tasmania/557/2019		640	160	640	160	1280	320	320	160	80	SIAT1 06.06.2019
A/South Australia/2/2019	3c.2a1b+135K	320	160	320	80	1280	160	160	160	160	SIAT1 21.06.2019
A/Perth/1015/2019		80	160	80	80	320	80	160	640	320	SIAT1 08.06.2019

Influenza B viruses

All available HA gene sequences of B/Yamagata lineage viruses belonged to genetic clade 3. In HI assays the vast majority of recently circulating B/Yamagata lineage viruses were well inhibited by post-infection ferret antisera raised against cell culture- or egg-propagated B/Phuket/3073/2013-like viruses.

The HA gene sequences of the B/Victoria lineage viruses characterized belonged to genetic clade 1A, but significant genetic diversity continued to be observed. Viruses with a 3 amino acid deletion in HA (amino acids 162-164) were predominant in most countries, although in some countries (e.g. Madagascar, Mozambique and many countries in Central and South America) viruses with a 2 amino acid deletion in HA (amino acids 162 and 163) were dominant. Viruses without HA amino acid deletions were in the minority. A majority of viruses with the 3 amino acid deletion were inhibited well by post-infection ferret antisera raised against both cell culture- or egg-propagated triple deletion viruses that contained HA1 G133R and K136E amino acid substitutions, such as B/Sichuan-Gaoxin/531/2018 and B/Washington/02/2019 (*Table 2*). Many viruses with the 3 amino acid deletion in HA and those without HA

Virus de la grippe B

Toutes les séquences disponibles du gène HA des virus de la lignée B/Yamagata appartenaient au clade génétique 3. Dans les épreuves d'HI, la grande majorité des virus de la lignée B/Yamagata récemment en circulation était bien inhibée par des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus B/Phuket/3073/2013 propagés sur œufs ou en culture cellulaire.

Les séquences géniques HA des virus de la lignée B/Victoria qui ont été caractérisés appartenaient au clade génétique 1A, mais continuaient de manifester une diversification génétique considérable. Les virus présentant une délétion de 3 acides aminés dans la séquence HA (acides aminés 162-164) étaient prédominants dans la plupart des pays, bien que les virus porteurs d'une délétion de 2 acides aminés sur HA (acides aminés 162 et 163) aient été plus fréquemment observés dans certains pays (notamment à Madagascar, au Mozambique et dans de nombreux pays d'Amérique centrale et d'Amérique du Sud). Les virus dénués de délétion d'acides aminés sur HA étaient minoritaires. La majorité des virus présentant une délétion de 3 acides aminés étaient bien inhibés par des antisérum de furet postinfection dirigés contre des virus à triple délétion, propagés en culture cellulaire ou sur œufs, contenant les substitutions G133R et K136E dans la sous-unité HA1, tels que B/Sichuan-Gaoxin/531/2018 et B/Washington/02/2019 (*Tableau 2*).

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 viruses – Virus de référence	HA clade – Clade HA	Reference ferret antisera – Antisérum de furet de référence					
		V1A		V1A-2DEL		V1A-3DEL	
		Egg BRI/60	Cell BRI/60	Egg CO/06	Cell IA/06	Egg WA/02	Cell WA/02
B/Brisbane/60/2008 (Egg)	V1A	2560	1280	320	160	320	80
B/Brisbane/60/2008 (Cell)	V1A	2560	1280	160	160	80	80
B/Colorado/06/2017 (Egg)	V1A-2DEL	320	160	160	160	160	80
B/Iowa/06/2017 (Cell)	V1A-2DEL	40	80	40	320	40	40
B/Washington/02/2019 (Egg)	V1A-3DEL	320	160	160	40	320	160
B/Washington/02/2019 (Cell)	V1A-3DEL	20	40	10	80	320	640
Test viruses – Virus testés							
B/Idaho/09/2019	V1A	160	640	20	80	40	40
B/New York/11/2019	V1A	160	640	20	80	40	40
B/Managua/1377-18/2019	V1A-2DEL	40	80	80	320	80	40
B/Esteli/1349-18/2019	V1A-2DEL	20	40	40	320	40	40
B/Mozambique/54/2019	V1A-2DEL	20	40	40	320	40	40
B/Texas/24/2019	V1A-2DEL	20	80	80	160	40	40
B/Louisiana/18/2019	V1A-3DEL	80	80	20	160	80	160
B/Oman/2250/2019	V1A-3DEL	640	320	320	160	320	320
B/Georgia/05/2019	V1A-3DEL	320	320	160	80	320	320
B/Maryland/17/2019	V1A-3DEL	20	80	10	80	320	320
B/Nigeria/3624/2018	V1A-3DEL	20	80	20	40	80	160
B/Wisconsin/21/2019	V1A-3DEL	10	40	10	40	160	160

HA: haemagglutinin – gène de l'hémagglutinine.

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

amino acid deletions were poorly inhibited by post-infection ferret antisera raised against both egg- and cell culture-propagated B/Colorado/06/2017-like viruses. In contrast, viruses with the 2 amino acid deletion were inhibited well by the antisera raised against B/Colorado/06/2017-like viruses.

Human serology studies, using the serum panels described above, showed generally minor reductions in post-vaccination HI geometric mean titres against representative recent B/Yamagata lineage viruses when compared to the cell culture-propagated B/Phuket/3073/2013 reference virus. Post-vaccination HI geometric mean titres against recent viruses of the B/Victoria lineage representing the 3 major genetic groups, with 3, 2 or no amino acid deletions in the HA, showed small to medium reductions when compared to egg- or cell culture-propagated B/Colorado/06/2017 reference viruses.

Of the 1727 influenza B viruses screened for NAI susceptibility, 18 showed reduced susceptibility. A total of 755 viruses were screened for susceptibility to baloxavir, with 97 of these being tested phenotypically; all retained normal susceptibility.

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2020 southern hemisphere influenza season

Lists of egg- or cell culture-propagated candidate vaccine viruses (CVVs) suitable for use in human vaccine production are available on the WHO website.⁵ A list of reagents for vaccine standardization, including those for this recommendation, can also be found on the WHO website. CVVs for zoonotic influenza viruses are listed on the same website.

As in previous years, 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.⁶

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

- (i) Biomedicines and Influenza Vaccines Section, Laboratories Branch, Medical Devices and Product Quality Division, Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden, ACT, 2606, Australia (fax: +61 262 328 564; email: influenza.reagents@health.gov.au; website: <http://www.tga.gov.au>);

De nombreux virus porteurs d'une délétion de 3 acides aminés sur HA, tout comme ceux qui ne présentaient aucune délétion, étaient médiocrement inhibés par des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus de type B/Colorado/06/2017, qu'ils soient propagés sur œufs ou en culture cellulaire. En revanche, les virus porteurs d'une délétion de 2 acides aminés étaient bien inhibés par des antisérum dirigés contre les virus de type B/Colorado/06/2017.

Les études sérologiques réalisées chez l'homme avec les panels de sérum décrits ci-dessus ont généralement révélé une baisse mineure de la moyenne géométrique des titres d'IH postvaccination contre des virus récents représentatifs de la lignée B/Yamagata par rapport au virus de référence B/Phuket/3073/2013 propagé en culture cellulaire. La moyenne des titres géométriques d'IH postvaccination contre les virus récents de la lignée B/Victoria représentant les 3 principaux groupes génétiques – avec 0, 2 ou 3 délétions d'acides aminés dans la séquence HA – était légèrement à modérément plus faible que les titres obtenus avec des virus de référence B/Colorado/06/2017 propagés sur œufs ou en culture cellulaire.

Sur les 1727 virus grippaux B ayant subi un test de sensibilité aux INA, 18 présentaient une sensibilité réduite. Au total, 755 virus ont été testés pour évaluer leur sensibilité au baloxavir, dont 97 au moyen d'une épreuve phénotypique; ils possédaient tous une sensibilité normale.

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2020 dans l'hémisphère Sud

Le site Web de l'OMS fournit la liste des virus vaccinaux candidats, propagés sur œufs ou en culture cellulaire, se prêtant à la production de vaccins humains.⁵ Une liste des réactifs destinés à la standardisation des vaccins, y compris ceux qui sont concernés par la présente recommandation, est également disponible sur le site Web de l'OMS. Les virus vaccinaux candidats pour les virus grippaux zoonotiques y sont également répertoriés.

Comme les années précédentes, 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.⁶

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:

- i) Biomedicines and Influenza Vaccines Section, Laboratories Branch, Medical Devices and Product Quality Division, Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden ACT, 2606 Australie (télécopie: +61 262 328 564; courriel: influenza.reagents@health.gov.au; site Web: <http://www.tga.gov.au>);

⁵ See http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/candidates_reagents/home

⁶ See No. 47, 2012, pp. 461–476.

WHO recommends that quadrivalent influenza vaccines for use in the 2020 southern hemisphere influenza season contain the following:

- an A/Brisbane/02/2018 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/South Australia/34/2019 (H3N2)-like virus;
- a B/Washington/02/2019-like (B/Victoria lineage) virus; and
- a B/Phuket/3073/2013-like (B/Yamagata lineage) virus.

WHO recommends that trivalent influenza vaccines for use in the 2020 southern hemisphere influenza season contain the following:

- an A/Brisbane/02/2018 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/South Australia/34/2019 (H3N2)-like virus; and
- a B/Washington/02/2019-like (B/Victoria lineage) virus.

L'OMS recommande que les vaccins quadrivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2020 dans l'hémisphère Sud contiennent:

- un virus de type A/Brisbane/02/2018 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/South Australia/34/2019 (H3N2);
- un virus de type B/Washington/02/2019 (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 2020 dans l'hémisphère Sud contiennent:

- un virus de type A/Brisbane/02/2018 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/South Australia/34/2019 (H3N2); et
- un virus de type B/Washington/02/2019 (lignée B/Victoria).

- (ii) 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, UK (fax: +44 1707 641 050; email: enquiries@nibsc.org; website: https://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource_.aspx);
- (iii) 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, USA (fax: +1 301 480 9748; email: cbershippingrequests@fda.hhs.gov);
- (iv) Influenza Virus Research Center, National Institute of Infectious Diseases, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japan (fax: +81 425 616 156; email: flu-vaccine@nih.go.jp);

Requests for reference viruses should be addressed to:

- (i) WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, VIDRL, Peter Doherty Institute, 792 Elizabeth Street, Melbourne, Victoria 3000, Australia (fax: +61 393 429 329; email: whoflu@influenzacentre.org; website: <http://www.influenzacentre.org>);
- (ii) 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: +81 425 616 149 or +81 425 652 498; email: whocc-flu@nih.go.jp);

ii) 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, Royaume-Uni (télécopie: +44 1707 641 050; courriel: enquiries@nibsc.org; site Web: https://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource_.aspx);

iii) Division of Biological Standards and Quality, Center for Biologics Evaluation and Research, Food and Drug Administration, 10903 New Hampshire Avenue, Silver Spring, Maryland, 20993, États-Unis (télécopie: +1 301 480 9748; courriel: cbershippingrequests@fda.hhs.gov);

iv) Centre de recherche sur le virus grippal, Institut national des maladies infectieuses, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (télécopie: +81 425 616 156; courriel: flu-vaccine@nih.go.jp);

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

- i) Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, VIDRL, Peter Doherty Institute, 792 Elizabeth Street, Melbourne, Victoria 3000, Australie (télécopie: +61 393 429 329; courriel: whoflu@influenzacentre.org; site Web: <http://www.influenzacentre.org>);
- ii) Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, Institut national des maladies infectieuses, Gakuen 4-7-1, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (télécopie: +81 425 616 149 ou +81 425 652 498; courriel: whocc-flu@nih.go.jp);

- (iii) 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, USA (fax: +1 404 639 0080; email: influenzavirussurveillance@cdc.gov; website: <http://www.cdc.gov/flu/>);
- (iv) WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, The Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, UK (tel: +44 2037 961 520 or +44 2037 962 444; email: whocc@crick.ac.uk; website: <http://www.crick.ac.uk/research/worldwide-influenza-centre>);
- (v) 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, P.R. 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 updates⁷ of global influenza activity. Other information about influenza surveillance can be found on the WHO Global Influenza Programme website.⁸

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 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 characterisation 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. ■

- iii) 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 (télécopie: +1 404 639 0080; courriel: influenzavirussurveillance@cdc.gov; site Web: <http://www.cdc.gov/flu/>);
- iv) Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, The Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, Royaume-Uni (téléphone: +44 2037 961 520 ou +44 2037 962 444; courriel: whocc@crick.ac.uk; site Web: <http://www.crick.ac.uk/research/worldwide-influenza-centre>);
- v) Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, Institut national de lutte contre les maladies virales, Chine CDC, 155 route de Changbai, district de Changping, 102206, Beijing (République populaire de Chine) (téléphone: +86 10 5890 0851, télécopie: +86 10 5890 0851, courriel: whocc-china@cnic.org, site Web: <http://www.chinaivdc.cn/cnic/en/>).

L'OMS actualise les informations sur l'activité grippale dans le monde toutes les 2 semaines.⁷ D'autres informations relatives à la surveillance de la grippe peuvent être obtenues sur le site Web du Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS.⁸

Remerciements

Les recommandations formulées par l'OMS sur la composition des vaccins 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 du GISRS de l'OMS 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 aviaire (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 sur l'efficacité des vaccins antigrippaux. ■

⁷ See https://www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/en/

⁸ See <http://www.who.int/influenza/gip>

⁷ Voir https://www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/en/

⁸ Voir <http://www.who.int/influenza/gip>

Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

September 2019

The development of influenza candidate vaccine viruses (CVVs), coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for pandemic preparedness.

Selection and development of CVVs are the first steps towards timely vaccine production and do not imply a recommendation for initiating manufacture. National authorities may consider the use of ≥ 1 of these CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need.

Zoonotic influenza viruses continue to be identified and evolve both genetically and antigenically, leading to the need for additional CVVs for pandemic preparedness purposes. Changes in the genetic and antigenic characteristics of these viruses relative to existing CVVs and their potential risks to public health justify the need to select and develop new CVVs.

This document summarizes the genetic and antigenic characteristics of recent zoonotic influenza viruses and related viruses circulating in animals¹ that are relevant to CVV updates. Institutions interested in receiving these CVVs should contact WHO at gisrs-whohq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

Influenza A(H5)

Since their emergence in 1997, highly pathogenic avian influenza (HPAI) A(H5) viruses of the A/goose/Guangdong/1/96 haemagglutinin (HA) lineage have become enzootic in some countries, have infected wild birds and continue to cause outbreaks in poultry and sporadic human infections. These viruses have diversified genetically and antigenically, leading to the need for multiple CVVs. Through reassortment, viruses with replacement of the N1 gene segment by N2, N3, N5, N6, N8 or N9 gene segments have also emerged. This summary provides updates on the characterisation of

Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus zoonotiques de la grippe A et mise au point de virus vaccinaux candidats en vue de la préparation à une pandémie

Septembre 2019

La mise au point de virus grippaux vaccinaux candidats, sous la coordination de l'OMS, demeure une composante essentielle de la stratégie mondiale globale de préparation aux pandémies.

La sélection et la mise au point de virus vaccinaux candidats représentent les premières étapes vers la production en temps utile des vaccins, mais n'impliquent pas qu'il soit recommandé d'en démarrer la fabrication. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres activités de préparation aux pandémies, selon leur évaluation des risques et des besoins en matière de santé publique.

Des virus grippaux zoonotiques présentant une évolution à la fois génétique et antigénique continuent d'être identifiés, d'où la nécessité de mettre au point des virus vaccinaux candidats supplémentaires aux fins de la préparation à une pandémie. Compte tenu de l'évolution des caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus par rapport aux virus vaccinaux candidats existants et des risques potentiels qui en résultent pour la santé publique, il est essentiel que de nouveaux virus vaccinaux candidats soient sélectionnés et mis au point.

Le présent document fournit un récapitulatif des caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques récemment isolés, ainsi que des virus apparentés qui circulent chez les animaux¹ et qui présentent un intérêt pour l'actualisation des virus vaccinaux candidats. Les institutions souhaitant recevoir ces virus vaccinaux candidats devront prendre contact avec l'OMS, à l'adresse gisrs-whohq@who.int, ou avec les organismes dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

Grippe A(H5)

Depuis leur émergence en 1997, des virus de la grippe aviaire A(H5) hautement pathogènes contenant le gène de l'hémagglutinine (HA) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 sont devenus enzootiques dans certains pays, ont infecté des oiseaux sauvages et continuent de provoquer des flambées chez les volailles, ainsi que des infections sporadiques chez l'homme. Ces virus se sont diversifiés sur les plans génétique et antigénique, d'où la nécessité de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats. Par réassortiment, des virus porteurs d'une substitution génétique du segment N1 par des segments N2, N3, N5, N6, N8 ou N9 ont également émergé.

¹ For information relevant to other notifiable influenza virus infections in animals refer to http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php?Wahidhome/Home

² See http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/candidates_reagents/home/en/

¹ Pour toute information relative aux autres infections grippales à notifier chez l'animal, consulter: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php?Wahidhome/Home/index/newlang/fr

² Voir http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/candidates_reagents/home/en/

A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses and the current status of the development of influenza A(H5) CVVs.

Influenza A(H5) activity from 18 February 2019 to 24 September 2019

One A(H5N6) human infection in China and 1 A(H5N1) human infection in Nepal were detected in this period. Since 2003, there have been 24 A(H5N6) and 861 A(H5N1) human infections confirmed. A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses were detected in poultry and wild birds in several countries (*Table 1*).

Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 et sur l'état d'avancement de la mise au point de virus candidats devant entrer dans la composition d'un vaccin contre la grippe A(H5).

Activité de la grippe A(H5) du 18 février 2019 au 24 septembre 2019

Pendant cette période, on a détecté 1 infection humaine par le virus A(H5N6) en Chine et 1 infection humaine par le virus A(H5N1) au Népal. Le nombre d'infections humaines confirmées depuis 2003 s'établit à 24 pour les virus A(H5N6) et à 861 pour les virus A(H5N1). Des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 ont été détectés chez des volailles et des oiseaux sauvages dans plusieurs pays (*Tableau 1*).

Table 1 Recent A(H5) activity reported
Tableau 1 Activité récente de la grippe A(H5)

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade ^a – Clade génétique ^a
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1)
Bhutan – Bhoutan	Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1)
Bulgaria – Bulgarie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille	2.3.4.4h (H5N6)
China – Chine	Human (1) ^b – Humain (1) ^b Poultry – Volaille	2.3.4.4h (H5N6) 2.3.2.1d (H5N1); 2.3.4.4h (H5N6)
Taiwan, China – Chine, Taïwan	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4c (H5N2) 2.3.4.4c (H5N2)
Egypt – Égypte	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
India – Inde	Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1)
Iran (Islamic Republic of) – Iran (République islamique d')	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Iraq	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Israel – Israël	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Lao People's Democratic Republic – République démocratique populaire Lao	Poultry – Volaille	2.3.2.1c (H5N1)
Namibia – Namibie	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N8)
Nepal – Népal	Human (1) ^b – Humain (1) ^b Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1a (H5N1) 2.3.2.1a (H5N1) 2.3.2.1a (H5N1)
Nigeria – Nigéria	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Russian Federation – Fédération de Russie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Viet Nam	Poultry – Volaille	2.3.2.1c (H5N1); 2.3.4.4g; 2.3.4.4h (H5N6)

^a Using proposed update to the unified nomenclature for highly pathogenic avian influenza A(H5) viruses. – Selon la mise à jour proposée de la nomenclature unifiée des virus aviaires A(H5) hautement pathogènes.

^b Numbers in parentheses denotes the number of human cases reported to WHO within reporting period (18 February to 24 September 2019). – Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de cas humains notifiés à l'OMS au cours de cette période (18 février au 24 septembre 2019).

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H5) viruses

The nomenclature for phylogenetic relationships among the HA genes of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses is defined in consultation with representatives of WHO, the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions.³ An update of this nomenclature has been made during 2019 defining additional clades within existing clades 2.3.2.1c and 2.3.4.4. and will be published on the WHO website by the end of year.

A(H5) viruses circulating and characterized from 18 February 2019 to 24 September 2019 belong to the following clades:

Clade 2.3.2.1a viruses were detected in a human in Nepal and in birds in Bangladesh, Bhutan, India and Nepal. The majority of viruses tested were inhibited well by post-infection ferret antisera raised against A/duck/Bangladesh/17D1012/2018, for which a CVV is in development, or genetically related viruses.

Clade 2.3.2.1c viruses were detected in Lao People's Democratic Republic (LPDR) and Viet Nam. These viruses had HA genes similar to viruses detected in South-East Asia in previous periods. Despite the viruses from LPDR having up to 11 amino acid substitutions in HA proteins compared to the CVV A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012, they reacted well with post-infection ferret antiserum raised to the CVV. Antigenic data for the viruses from Viet Nam are pending.

Clade 2.3.2.1d viruses were detected in birds and environmental samples in China. The HA genes of these viruses were genetically similar to that of A/chicken/Guiyang/1153/2016, from which a CVV has been produced and is undergoing safety testing. Assessment of the antigenic relatedness of the recent clade 2.3.2.1d viruses to the A/chicken/Guiyang/1153/2016 CVV is pending.

Clade 2.3.4.4b viruses were detected in birds in Bulgaria, Egypt, Iraq, Islamic Republic of Iran, Israel, Namibia, Nigeria and the Russian Federation. Although there was diversity within the available HA gene sequences, the HA protein sequences of most viruses were similar to that of A/Fujian-Sanyuan/21099/2017, from which a CVV is in development. There is considerable antigenic diversity among viruses within this group when compared with antisera raised to A/Fujian-Sanyuan/21099/2017-like viruses. The antigenic similarity of recent clade 2.3.4.4b viruses to A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 is being determined.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5)

La nomenclature des liens de parenté phylogénétiques existant entre les gènes HA des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 est définie en consultation avec des représentants de l'OMS, de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) et d'établissements universitaires.³ Cette nomenclature a été mise à jour en 2019, avec la définition de clades supplémentaires au sein des clades existants 2.3.2.1c et 2.3.4.4, et sera publiée sur le site Web de l'OMS d'ici la fin de l'année.

Les virus A(H5) circulants qui ont été caractérisés entre le 18 février 2019 et le 24 septembre 2019 appartenaient aux clades suivants:

Clade 2.3.2.1a: des virus de ce clade ont été détectés chez une personne au Népal et parmi des oiseaux au Bangladesh, au Bhoutan, en Inde et au Népal. La plupart des virus testés étaient bien inhibés par des antisérum de furet postinfection dirigés contre la souche A/duck/Bangladesh/17D1012/2018, pour laquelle un virus vaccinal candidat est en cours de développement, ou des virus génétiquement apparentés.

Clade 2.3.2.1c: des virus de ce clade ont été détectés en République démocratique populaire lao et au Viet Nam. Ces virus avaient des gènes HA analogues à ceux des virus détectés en Asie du Sud-Est lors des périodes précédentes. Bien que présentant 11 substitutions d'acides aminés sur les protéines HA par rapport au virus vaccinal candidat A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012, les virus identifiés en République démocratique populaire lao ont bien réagi avec des antisérum de furet postinfection dirigés contre le virus vaccinal candidat. Les données antigéniques relatives aux virus détectés au Viet Nam ne sont pas encore disponibles.

Clade 2.3.2.1d: des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux et dans des échantillons environnementaux en Chine. Les gènes HA de ces virus étaient génétiquement apparentés à ceux de la souche A/chicken/Guiyang/1153/2016, qui a servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat faisant actuellement l'objet de tests d'innocuité. Le degré de parenté antigénique entre les récents virus du clade 2.3.2.1d et le virus vaccinal candidat A/chicken/Guiyang/1153/2016 est en cours d'évaluation.

Clade 2.3.4.4b: des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux en Bulgarie, en Égypte, en Fédération de Russie, en Iraq, en Israël, en Namibie, au Nigéria et en République islamique d'Iran. Les séquences disponibles des gènes HA de ces virus, bien que présentant une certaine diversité, étaient dans la plupart des cas analogues à celle de la souche A/Fujian-Sanyuan/21099/2017, actuellement utilisée pour la mise au point d'un virus vaccinal candidat. Une diversité antigénique considérable est observée parmi les virus de ce groupe lorsqu'on les compare avec des antisérum dirigés contre les virus de type A/Fujian-Sanyuan/21099/2017. La parenté antigénique des virus récents du clade 2.3.4.4b avec la souche A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 est en cours d'évaluation.

³ See <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

³ Voir <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

Clade 2.3.4.4c viruses were detected in birds in Taiwan, China. Compared to the most closely related CVV, A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014, there were 8-10 amino acid differences in the HA protein. No antigenic data are available for these viruses.

Clade 2.3.4.4g viruses were detected in Viet Nam following outbreaks in poultry. These viruses were genetically similar to viruses detected in Viet Nam in recent years. No CVV has been proposed from clade 2.3.4.4g. The HA1 proteins of the recent viruses from Viet Nam had up to 10 amino acid substitutions relative to that of A/chicken/Viet Nam/15A59/2015 (clade 2.3.4.4f), from which a CVV is being developed. Antigenic information on the clade 2.3.4.4g viruses is being generated.

Clade 2.3.4.4h viruses were detected in a human in China and birds in China and Viet Nam. The HA genes of these viruses were closely related to that of A/Guangdong/18SF020/2018, from which a CVV is being developed. Viruses isolated from birds in China were tested in hemagglutination inhibition assays and had antigenic profiles similar to A/Guangdong/18SF020/2018.

Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, development of new A(H5) CVVs is not proposed. Availability of A(H5) CVVs is listed in *Table 2*.

Influenza A(H7)

Human infections with avian influenza A(H7N9) viruses were first reported to WHO on 31 March 2013. This summary provides updates on the characterisation of A/Anhui/1/2013 HA lineage A(H7) viruses and the current status of the development of corresponding CVVs.

Influenza A(H7) activity from 18 February 2019 to 24 September 2019

One human case of HPAI A(H7N9) infection was detected in China in this period. HPAI A(H7N9) viruses were also detected in environmental samples collected in the poultry market epidemiologically linked to the human case. Since their emergence, there have been 1568 confirmed human infections with A/Anhui/1/2013 HA lineage A(H7N9) viruses.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H7) viruses

The HA proteins of the A(H7N9) viruses isolated from the infected human and associated poultry market had 16 amino acid substitutions relative to previously char-

Clade 2.3.4.4c: des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux à Taïwan, en Chine. Ils présentaient 8 à 10 différences d'acides aminés sur la protéine HA par rapport au virus vaccinal candidat le plus étroitement apparenté, A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014. On ne dispose d'aucune donnée antigénique sur ces virus.

Clade 2.3.4.4g: des virus de ce clade ont été détectés au Viet Nam à la suite de flambées épidémiques chez les volailles. Ces virus étaient génétiquement analogues à ceux détectés au Viet Nam ces dernières années. Aucun virus vaccinal candidat n'a été proposé pour le clade 2.3.4.4g. Les protéines HA1 des virus récemment identifiés aux Viet Nam comportaient jusqu'à 10 substitutions d'acides aminés par rapport à la souche A/chicken/Viet Nam/15A59/2015 (clade 2.3.4.4f), actuellement utilisée pour la mise au point d'un virus vaccinal candidat. La collecte d'informations antigéniques sur les virus du clade 2.3.4.4g est en cours.

Clade 2.3.4.4h: des virus de ce clade ont été détectés chez une personne en Chine et parmi des oiseaux en Chine et au Viet Nam. Les gènes HA de ces virus étaient étroitement apparentés à ceux de la souche A/Guangdong/18SF020/2018, actuellement utilisée pour la mise au point d'un virus vaccinal candidat. Les virus isolés chez les oiseaux en Chine ont été soumis à des tests d'inhibition de l'hémagglutination et présentaient des profils antigéniques analogues à celui de A/Guangdong/18SF020/2018.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H5)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, il n'est pas proposé de mettre au point de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H5). Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles sont recensés dans le *Tableau 2*.

Grippe A(H7)

Les premiers cas d'infection humaine par des virus grippaux aviaires A(H7N9) ont été notifiés à l'OMS le 31 mars 2013. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H7) de la lignée A/Anhui/1/2013 et sur l'état d'avancement de la préparation des virus vaccinaux candidats correspondants.

Activité de la grippe A(H7) du 18 février 2019 au 24 septembre 2019

Un cas d'infection humaine par le virus de la grippe aviaire A(H7N9) hautement pathogène a été détecté en Chine pendant cette période. Des virus A(H7N9) hautement pathogènes ont également été identifiés dans des échantillons environnementaux recueillis dans des marchés de volailles, présentant un lien épidémiologique avec le cas humain. Depuis leur émergence, les virus A(H7N9) de la lignée A/Anhui/1/2013 ont provoqué 1568 infections humaines confirmées.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H7)

Les protéines HA des virus A(H7N9) isolés chez le cas humain et dans les marchés de volailles associés possédaient 16 substitutions d'acides aminés par rapport aux virus précédemment

Table 2 Status of influenza A(H5) candidate vaccine virus development

Tableau 2 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Institution*	Available – Disponible
CDC-RG (A/Viet Nam/1203/2004)	1	CDC	Yes – Oui
SJRG-161052 (A/Viet Nam/1203/2004)	1	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-14 (A/Viet Nam/1194/2004)	1	NIBSC	Yes – Oui
NIBRG-88 (A/Cambodia/R040505/2007)	1.1	NIBSC	Yes – Oui
IDCDC-RG34B (A/Cambodia/X0810301/2013)	1.1.2	CDC	Yes – Oui
SJRG-166614 (A/duck/Hunan/795/2002)	2.1.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
CDC-RG2 (A/Indonesia/5/2005)	2.1.3.2	CDC	Yes – Oui
NIIDRG-9 (A/Indonesia/NIHRD11771/2011)	2.1.3.2a	NIID	Yes – Oui
SJRG-163222 (A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005)	2.2	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IBCDC-RG7 (A/chicken/India/NIV33487/2006)	2.2	CDC/NIV	Yes – Oui
SJRG-163243 (A/whooper swan/Mongolia/244/2005)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
IDCDC-RG11 (A/Egypt/2321-NAMRU3/2007)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
NIBRG-23 (A/turkey/Turkey/1/2005)	2.2.1	NIBSC	Yes – Oui
IDCDC-RG29 (A/Egypt/N03072/2010)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG13 (A/Egypt/3300-NAMRU3/2008)	2.2.1.1	CDC	Yes – Oui
NIBRG-306 (A/Egypt/N04915/2014)	2.2.1.2	NIBSC	Yes – Oui
SJRG-166615 (A/common magpie/Hong Kong/5052/2007)	2.3.2.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG30 (A/Hubei/1/2010)	2.3.2.1a	CDC	Yes – Oui
SJ007 (A/duck/Bangladesh/19097/2013)	2.3.2.1a	SJCRH	Yes – Oui
SJ003 (A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010)	2.3.2.1b	SJCRH/HKU	Yes – Oui
NIBRG-301 (A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012)	2.3.2.1c	NIBSC	Yes – Oui
SJ002 (A/chicken/Hong Kong/AP156/2008)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IBCDC-RG6 (A/Anhui/1/2005)	2.3.4	CDC	Yes – Oui
CBER-RG1 (A/duck/Laos/3295/2006)	2.3.4	FDA	Yes – Oui
SJRG-164281 (A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG36 (A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011)	2.3.4.2	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG35 (A/Guizhou/1/2013)	2.3.4.2	CDC/CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG42A (A/Sichuan/26221/2014) (H5N6)	2.3.4.4a	CDC/CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG43A (A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014) (H5N8)	2.3.4.4c	CDC	Yes – Oui
NIID-001 (A/duck/Hyogo/1/2016) (H5N6)	2.3.4.4e	NIID	Yes – Oui
SJRG-165396 (A/goose/Guiyang/337/2006)	4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG12 (A/chicken/Viet Nam/NCVD-016/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG25A (A/chicken/Viet Nam/NCVD-03/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation ^a – Virus vaccinaux candidats en préparation ^a	Clade	Institution	Available – Disponible
A/duck/Bangladesh/17D1012/2018-like	2.3.2.1a	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Guiyang/1153/2016-like	2.3.2.1d	SJCRH/HKU	Pending – En attente
A/chicken/Ghana/20/2015-like	2.3.2.1f	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015 (H5N6)-like	2.3.4.4f	SJCRH	Pending – En attente
A/Guangdong/18SF020/2018 (H5N6)-like	2.3.4.4h	CCDC	Pending – En attente
A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 (H5N6)-like ^b	2.3.4.4b	CCDC	Pending – En attente
A/Hubei/29578/2016 ^b	2.3.4.4d	CCDC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

FDA: Food and Drug Administration, USA – FDA: Food and Drug Administration, États-Unis

HKU: University of Hong Kong, Hong Kong Special Administrative Region, China – HKU: Université de Hong Kong, Hong Kong, Région administrative spéciale de la Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

NIID: National Institute of Infectious Diseases, Japan – NIID: Institut national des maladies infectieuses, Japon

NIV: National Institute of Virology, India – NIV: National Institute of Virology, Inde

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

^a Development of the A/environment/Hubei/950/2013-like CVV (clade 7.2) has been discontinued. – La mise au point du virus vaccinal candidat de type A/environment/Hubei/950/2013 a été suspendue.^b These candidate vaccine viruses are being rederived. – Une nouvelle préparation de ces virus vaccinaux candidats est en cours.

acterized viruses and available CVVs (*Figure 1*). Correspondingly, these viruses were not inhibited well by antisera raised against available CVVs or previously described wild type viruses (*Table 3*).

Influenza A(H7) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, development of a new A/Gansu/23277/2019-like CVV is proposed. Availability of A(H7N9) CVVs is listed in *Table 4*.

Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry in parts of Africa, Asia and the Middle East. The majority of viruses sequenced from these regions belongs to the A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) or A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) lineages. Since the late 1990s, when the first human infection was identified, the detection of A(H9N2) viruses from humans and swine has been reported infrequently. In most human cases, the associated illness has been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

Influenza A(H9N2) activity from 18 February 2019 to 24 September 2019

Single human cases of A(H9N2) virus infections were reported by China and Oman in this period. The virus from China belonged to the Y280/G9 lineage and that from Oman to the G1 lineage. The Y280/G9 lineage A(H9N2) viruses continue to predominate in environmental and/or poultry samples in Cambodia, China and Viet Nam. As in previous reporting periods, G1 lineage viruses were detected in poultry in a number of countries within Africa and Asia.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H9N2) viruses

All recent A(H9N2) infections of humans and poultry in China, and all poultry infections in Cambodia, Lao People's Democratic Republic and Viet Nam, were caused by viruses of the Y280/G9 lineage. Representatives of these recent viruses, including the virus isolated from the human infection in China, reacted well to post-infection ferret antiserum raised against A/Anhui-Lujiang/39/2018, from which a CVV is in development. A subset of viruses detected in China, Lao People's Democratic Republic and Viet Nam that were not well inhibited by this post-infection ferret antiserum but reacted well with post-infection ferret antiserum raised against the A/chicken/Hong Kong/G9/97 CVV.

The virus isolated from the human case in Oman had an HA gene similar to viruses detected in surrounding countries in recent years and reacted well with post-infection ferret antiserum raised against

caractérisés et aux virus vaccinaux candidats disponibles (*Figure 1*). Ainsi, ces virus étaient mal inhibés par des antisérum dirigés contre les virus vaccinaux candidats actuels ou les virus de type sauvage précédemment caractérisés (*Tableau 3*).

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H7)

Au vu des données antigeniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, il n'est pas proposé de mettre au point un nouveau virus vaccinal candidat de type A/Gansu/23277/2019. Les virus vaccinaux candidats A(H7N9) disponibles sont recensés dans le *Tableau 4*.

Grippe A(H9N2)

Des virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques parmi les populations de volailles de certaines parties d'Afrique, d'Asie et du Moyen-Orient. La majorité des virus de ces régions qui ont été séquencés appartiennent aux lignées A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) ou A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9). Depuis que le premier cas d'infection humaine a été identifié à la fin des années 1990, des détections peu fréquentes de virus A(H9N2) ont été signalées chez l'homme et chez le porc. Pour la majorité des personnes touchées, les symptômes de la maladie ont été bénins et aucun signe de transmission interhumaine n'a été relevé.

Activité de la grippe A(H9N2) du 18 février 2019 au 24 septembre 2019

La Chine et Oman ont chacun signalé 1 cas d'infection humaine par le virus A(H9N2) pendant cette période. Le virus détecté en Chine appartenait à la lignée Y280/G9 et celui d'Oman à la lignée G1. Les virus A(H9N2) de la lignée Y280/G9 demeurent prédominants dans les échantillons prélevés dans l'environnement et/ou chez les volailles au Cambodge, en Chine et au Viet Nam. Comme lors des périodes précédentes, des virus de la lignée G1 ont été détectés chez les volailles dans plusieurs pays d'Afrique et d'Asie.

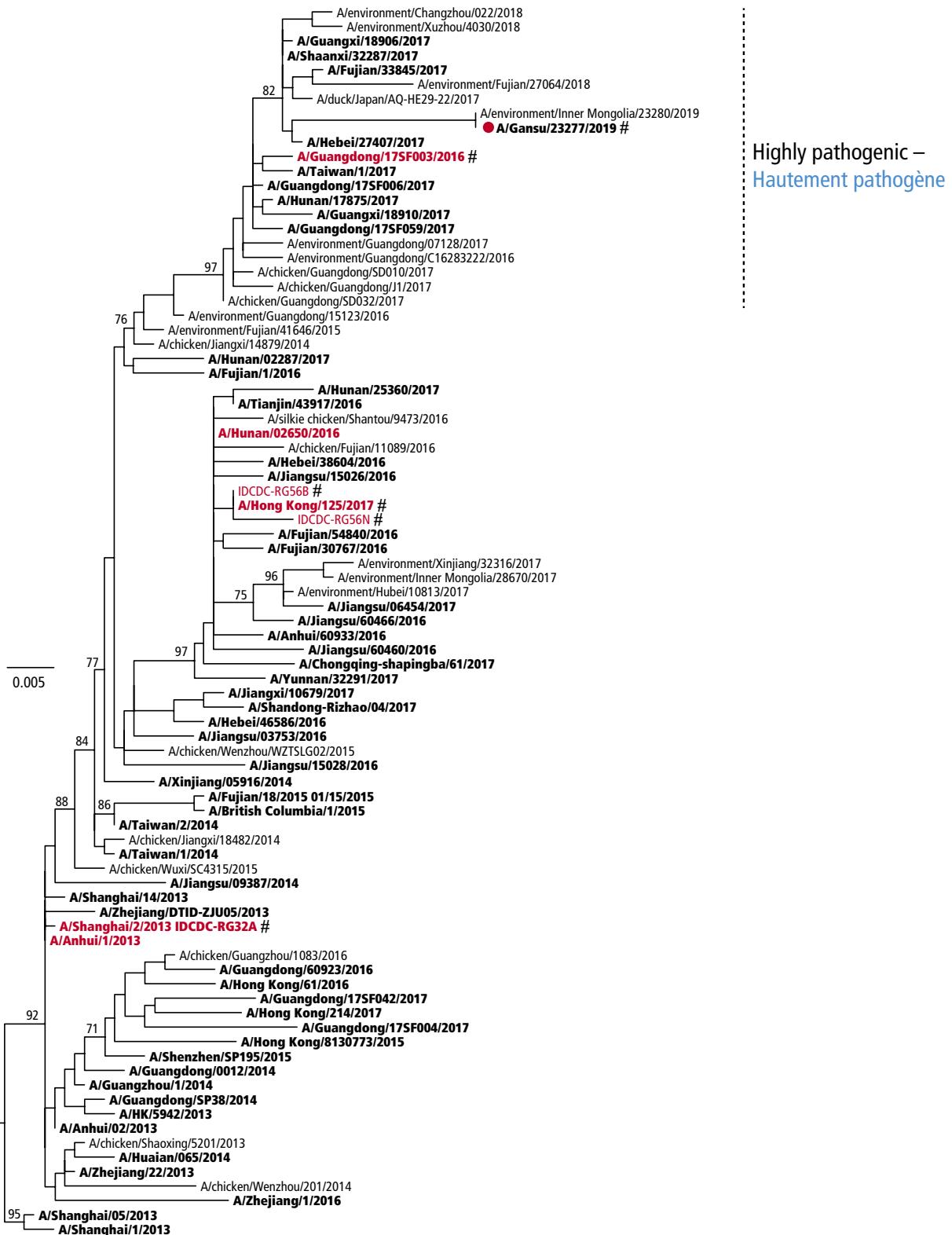
Caractéristiques antigeniques et génétiques des virus grippaux A(H9N2)

Toutes les infections à virus A(H9N2) récemment détectées chez l'homme et les volailles en Chine étaient dues à des virus de la lignée Y280/G9, de même que toutes les infections survenues chez les volailles au Cambodge, en République démocratique populaire lao et au Viet Nam. Des virus représentatifs de ces virus récents, y compris le virus isolé chez le cas humain en Chine, ont bien réagi avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche A/Anhui-Lujiang/39/2018, actuellement utilisée pour la mise au point d'un virus vaccinal candidat. Un sous-ensemble des virus détectés en Chine, en République démocratique populaire lao et au Viet Nam était mal inhibé par cet antisérum de furet postinfection, mais a bien réagi avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre le virus vaccinal candidat A/chicken/Hong Kong/G9/97.

Le virus isolé chez le cas humain à Oman avait un gène HA analogue à celui des virus détectés dans les pays voisins au cours des dernières années et a bien réagi avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche

Figure 1 Phylogenetic relationships of A(H7N9) haemagglutinin genes

Figure 1 Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H7N9)



The candidate vaccine viruses available or in preparation appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (●). Human viruses are in **bold font**. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles ou en préparation apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●). Les virus humains sont indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 3 Haemagglutination inhibition assays of A(H7N9) influenza viruses

Tableau 3 Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H7N9)

Reference antigens – Antigènes de référence	RG32A	HK/125	RG56B	GD/17SF003	RG56N
A/Shanghai/2/2013 IDCDC-RG32A	640	320	160	1280	1280
A/Hong Kong/125/2017	320	320	160	2560	1280
IDCDC-RG56B	320	640	320	2560	1280
A/Guangdong/17SF003/2016	80	40	40	640	320
IDCDC-RG56N	80	80	40	1280	640
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/Gansu/23277/2019	10	<10	<10	80	20

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Table 4 Status of influenza A(H7N9) candidate vaccine virus development

Tableau 4 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7N9)

Candidate vaccine virus – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*	Available – Disponible
IDCDC-RG33A (A/Anhui/1/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-268 (A/Anhui/1/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
NIIDRG-10.1 (A/Anhui/1/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
SJ005 (A/Anhui/1/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-267 (A/Shanghai/2/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
CBER-RG4A (A/Shanghai/2/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
IDCDC-RG32A (A/Shanghai/2/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG32A.3 (A/Shanghai/2/2013)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56B (A/Hong Kong/125/2017)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56N (A/Guangdong/17SF003/2016)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-375 (A/Guangdong/17SF003/2016)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
CBER-RG7C (A/Guangdong/17SF003/2016)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
CBER-RG7D (A/Guangdong/17SF003/2016)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Institution	Available – Disponible
A/Guangdong/17SF003/2016-like ^a	Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC	Pending – En attente
A/Hunan/02650/2016-like ^a	Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC	Pending – En attente
A/Gansu/23277/2019-like	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

FDA: Food and Drug Administration, USA – FDA: Food and Drug Administration, États-Unis

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

NIID: National Institute of Infectious Diseases, Japan – NIID: Institut national des maladies infectieuses, Japon

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

^a These candidate vaccine viruses are being rederived. – Une nouvelle préparation de ces virus vaccinaux candidats est en cours.

A/Bangladesh/0994/2011, from which a CVV has been developed. Increasing genetic and antigenic diversity was detected in recent G1 lineage viruses circulating in birds in different geographic regions, notably Africa and the Middle East, with some loss of reactivity with post-infection ferret antisera raised against existing CVVs. Additional data from these regions will allow a more accurate determination of the significance of this diversity.

Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, development of new CVVs is not proposed. Availability of A(H9N2) CVVs is listed in *Table 5*.

A/Bangladesh/0994/2011 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat. Une diversification génétique et antigénique croissante a été constatée parmi les virus récents de la lignée G1 circulant chez les oiseaux dans différentes régions, notamment en Afrique et au Moyen-Orient, accompagnée d'une certaine perte de réactivité avec les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats existants. La collecte de données supplémentaires dans ces régions permettra de mieux déterminer l'importance de cette diversification.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H9N2)

Au vu des données antigeniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, il n'est pas proposé de mettre au point de nouveaux virus vaccinaux candidats. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles sont recensés dans le *Tableau 5*.

Table 5 Status of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus development

Tableau 5 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Clade	Institution*	Available – Disponible
A/Hong Kong/1073/99	Wild type – Type sauvage	G1	NIBSC	Yes – Oui
NIBRG-91 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	NIBSC	Yes – Oui
IBCDC-2 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Conventional – Classique	Y280/G9	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG26 (A/Hong Kong/33982/2009)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG31 (A/Bangladesh/994/2011)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes – Oui
SJ008 (A/Hong Kong/308/2014)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	SJCRH	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Clade	Institution	Available – Disponible
A/Anhui-Lujiang/39/2018-like	Reverse genetics – Génétique inverse Conventional – Classique	Y280/G9 Y280/G9	CCDC NIBSC	Pending – En attente Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

Influenza A(H1)v⁴

Influenza A(H1) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on geographic location, the genetic and antigenic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine influenza A(H1) viruses (designated as A(H1)v viruses⁴) have been previously documented in Asia, Europe and the Americas.⁵

Grippe A(H1)v⁴

Les virus grippaux A(H1) sont enzootiques dans les populations porcines de la plupart des régions du monde. Leurs caractéristiques génétiques et antigéniques diffèrent selon le lieu géographique. Des cas d'infection humaine par des virus grippaux porcins A(H1) (dénommés virus A(H1)v⁴) ont été enregistrés précédemment en Asie, en Europe et en Amérique du Nord.⁵

⁴ See http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/

⁵ See <https://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V19N18/art20793.pdf>

Influenza A(H1)v activity from 18 February 2019 to 24 September 2019

One human case of an A(H1N1)v virus infection was identified in the United States of America in this period. Since 2005, 48 human infections with A(H1)v viruses have been reported in the United States of America.

Antigenic and genetic characteristics of the influenza A(H1N1)v virus

The A(H1N1)v virus had HA and NA genes similar to recent A(H1N1)pdm09 viruses circulating in swine and humans. The remaining gene segments were closely related to those of swine viruses circulating in the USA. Ferret antisera raised against recommended human seasonal A(H1N1)pdm09 vaccine viruses (e.g., A/Michigan/45/2015, A/Brisbane/02/2018 and A/Idaho/7/2018) reacted well with the A(H1N1)v virus and closely related swine influenza viruses. Similarly, sera from vaccinated children and adults inhibited this virus at titres comparable to those seen with 2018-2019 seasonal A(H1N1)pdm09 vaccine viruses.

Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, development of new A(H1)v CVVs is not proposed. Availability of A(H1)v CVVs is listed in *Tableau 6*.

Activité de la grippe A(H1)v du 18 février 2019 au 24 septembre 2019

Un cas d'infection humaine par un virus A(H1N1)v a été identifié aux États-Unis pendant cette période. Depuis 2005, 48 infections humaines par des virus A(H1)v ont été notifiées par les États-Unis.

Caractéristiques antigéniques et génétiques du virus grippal A(H1N1)v

Les gènes HA et NA du virus A(H1N1)v étaient analogues à ceux des virus A(H1N1)pdm09 ayant récemment circulé dans les populations porcines et chez l'homme. Les segments génétiques restants étaient étroitement apparentés à ceux des virus porcins circulant aux États-Unis d'Amérique. Des antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 recommandés contre la grippe humaine saisonnière (soit A/Michigan/45/2015, A/Brisbane/02/2018 et A/Idaho/7/2018) ont bien réagi avec le virus A(H1N1)v et les virus porcins fortement apparentés. De même, des échantillons de sérum prélevés chez des enfants et des adultes vaccinés ont inhibé ce virus à des titres comparables à ceux observés avec les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 utilisés pour la grippe saisonnière 2018-2019.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H1)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, il n'est pas proposé de mettre au point de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H1)v. Les virus vaccinaux candidats A(H1)v disponibles sont recensés dans le *Tableau 6*.

Table 6 Status of influenza A(H1)v candidate vaccine virus development

Tableau 6 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H1)v

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*	Available – Disponible
CNIC-1601 (A/Hunan/42443/2015) (H1N1)	Conventional – Classique	CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG48A (A/Ohio/9/2015) (H1N1)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG58A (A/Michigan/383/2018) (H1N2)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Institution	Available – Disponible
A/Iowa/32/2016-like (H1N2)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Netherlands/3315/2016-like (H1N1)	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente
A/Ohio/24/2017-like (H1N2)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Ohio/35/2017-like (H1N2)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

Acknowledgements

We acknowledge the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) which provides the mechanism for detection and monitoring of emerging zoonotic influenza viruses. We thank the National Influenza Centres (NICs) of GISRS who contributed information, clinical specimens and viruses, and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for their in-depth characterisation and comprehensive analysis of viruses; and WHO H5 Reference Laboratories for their complementary analyses. We thank the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU) laboratories for their in-depth characterisation and comprehensive analysis of viruses and other national institutions for contributing information and viruses. We also acknowledge the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) for the EpiFlu database, and other sequence databases which were used to share gene sequences and associated information. ■

Remerciements

Nous saluons la contribution du système mondial de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS) de l'OMS, qui offre un moyen de détecter et de surveiller les virus grippaux zootropiques émergents. Nous remercions également: les centres nationaux de lutte contre la grippe du GISRS, qui ont fourni des informations, des échantillons cliniques, des virus et d'autres données associées; les centres collaborateurs du GISRS de l'OMS pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus; et les laboratoires de référence H5 de l'OMS pour leurs analyses complémentaires. Nous sommes reconnaissants aux laboratoires du Réseau d'experts sur la grippe animale (OFFLU) de l'OIE/FAO pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus, ainsi qu'à d'autres institutions nationales pour les informations et les virus fournis. Enfin, nous tenons à remercier l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) pour la base de données EpiFlu et d'autres banques de données qui ont permis le partage des séquences génétiques et d'autres informations associées. ■

How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW server: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address:
<http://www.who.int/wer>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the WER, together with other short epidemiological bulletins. To subscribe, send a message to listserv@who.int. The subject field should be left blank and the body of the message should contain only the line subscribe wer-reh. A request for confirmation will be sent in reply.

Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer/>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du REH ainsi que d'autres bulletins épidémiologiques. Pour vous abonner, merci d'envoyer un message à listserv@who.int en laissant vide le champ du sujet. Le texte lui-même ne devra contenir que la phrase suivante: subscribe wer-reh. Une demande de confirmation vous sera envoyée en retour.

www.who.int/wer

Email • send message **subscribe wer-reh** to listserv@who.int
Content management & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

www.who.int/wer

Email • envoyer message **subscribe wer-reh** à listserv@who.int
Gestion du contenu & production • wantzc@who.int ou werreh@who.int

WHO web sites on infectious diseases – Sites internet de l'OMS sur les maladies infectieuses

Avian influenza	https://www.who.int/influenza/human_animal_interface	Grippe aviaire
Buruli ulcer	http://www.who.int/buruli	Ulcère de Buruli
Child and adolescent health and development	http://www.who.int/child_adolescent_health	Santé et développement des enfants et des adolescents
Cholera	http://www.who.int/cholera	Choléra
Dengue	http://www.who.int/denguecontrol	Dengue
Ebola virus disease	https://www.who.int/health-topics/ebola/#tab=tab_1	Maladie à virus Ebola
Emergencies	https://www.who.int/emergencies	Situations d'urgence sanitaire
Epidemic and pandemic diseases	https://www.who.int/emergencies/diseases	Maladies épidémiques et pandémiques
Eradication/elimination programmes	http://www.who.int/topics/infectious_diseases	Programmes d'éradication/élimination
Fact sheets on infectious diseases	http://www.who.int/topics/infectious_diseases/factsheets	Aide-mémoires sur les maladies infectieuses
Filarisis	http://www.filariasis.org	Filariose
Global Foodborne Infections Network (GFN)	http://www.who.int/gfn	Réseau mondial d'infections d'origine alimentaire
Global Health Observatory (GHO) data	https://www.who.int/gho	Données de l'Observatoire de la santé mondiale
Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)	https://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory	Système mondial de surveillance et d'intervention en cas de grippe (GISRS)
Global Outbreak Alert and Response Network (GOARN)	https://www.who.int/ihr/alert_and_response/outbreak-network/en/	Réseau mondial d'alerte et d'action en cas d'épidémie (GOARN)
Health topics	http://www.who.int/topics/en	La santé de A à Z
Human African trypanosomiasis	http://www.who.int/trypanosomiasis_african	Trypanosomiase humaine africaine
Immunization, Vaccines and Biologicals	http://www.who.int/immunization	Vaccination, Vaccins et Biologiques
Influenza	https://www.who.int/influenza	Grippe
International Health Regulations	http://www.who.int/ihr	Règlement sanitaire international
International travel and health	http://www.who.int/ith	Voyages internationaux et santé
Leishmaniasis	http://www.who.int/leishmaniasis	Leishmaniose
Leprosy	http://www.who.int/lep	Lèpre
Lymphatic filariasis	http://www.who.int/lymphatic_filariasis	Filiariose lymphatique
Malaria	http://www.who.int/malaria	Paludisme
Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)	https://www.who.int/emergencies/mers-cov	Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV)
Neglected tropical diseases	http://www.who.int/neglected_diseases	Maladies tropicales négligées
Onchocerciasis	http://www.who.int/onchocerciasis	Onchocercose
Outbreak news	http://www.who.int/csr/don	Flambées d'épidémies
Poliomyelitis	http://www.polioeradication.org	Poliomyélite
Rabies	http://www.who.int/rabies	Rage
Schistosomiasis	http://www.who.int/schistosomiasis	Schistosomiase
Smallpox	http://www.who.int/csr/disease/smallpox	Variole
Soil-transmitted helminthiases	http://www.who.int/intestinal_worms	Géohelminthiases
Trachoma	http://www.who.int/trachoma	Trachome
Tropical disease research	http://www.who.int/tdr	Recherche sur les maladies tropicales
Tuberculosis	http://www.who.int/tb_and/et http://www.stoptb.org	Tuberculose
Weekly Epidemiological Record	http://www.who.int/wer	Relevé épidémiologique hebdomadaire
WHO Lyon Office for National Epidemic Preparedness and Response	http://www.who.int/ihr/lyon	Bureau OMS de Lyon pour la préparation et la réponse des pays aux épidémies
WHO Pesticide Evaluation Scheme (WHOPES)	https://www.who.int/whopes/resources	Schéma OMS d'évaluation des pesticides
Yellow fever	http://www.who.int/csr/disease/yellowfev	Fièvre jaune
Zika virus disease	https://www.who.int/emergencies/diseases/zika	Maladie à virus Zika