



Organisation mondiale de la Santé

Weekly epidemiological record

Relevé épidémiologique hebdomadaire

28 OCTOBRE 2022, 97th YEAR / 28 OCTOBER 2022, 97^e ANNÉE

No 43, 2022, 97, 537–566

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

Contents

- 537 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season
- 550 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

Sommaire

- 537 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud
- 550 Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux A zootiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season

September 2022

WHO convenes technical consultations¹ in February and September each year to recommend viruses for inclusion in influenza vaccines² for the northern hemisphere (NH) and southern hemisphere (SH) influenza seasons, respectively. This recommendation relates to the influenza vaccines for use in the SH 2023 influenza season. A recommendation will be made in February 2023 relating to vaccines that will be used for the NH 2023–2024 influenza season. For countries in tropical and subtropical regions, WHO recommendations for influenza vaccine composition (NH or SH) are available on the WHO Global influenza programme website.³

Seasonal influenza activity

From February through August 2022, influenza activity was reported in all regions and overall remained lower than in pre-COVID-19 pandemic years, but was at the highest level compared to similar periods since the start of the COVID-19 pandemic. During this period, influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and influenza B viruses circulated, although the proportions of the viruses circulating varied among reporting countries.

In the temperate zone of the northern hemisphere, increased influenza activity was reported in March and April, declined

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud

Septembre 2022

En février et en septembre de chaque année, l'OMS organise des consultations techniques¹ en vue de formuler des recommandations sur les virus devant entrer dans la composition des vaccins antigrippaux² pour les saisons grippales de l'hémisphère Nord et de l'hémisphère Sud, respectivement. La présente recommandation porte sur les vaccins antigrippaux à utiliser pendant la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud. Pour la saison grippale 2023–2024 dans l'hémisphère Nord, une recommandation sera formulée en février 2023. Pour les pays des régions tropicales et subtropicales, des recommandations de l'OMS sur la composition des vaccins antigrippaux (hémisphère Nord ou hémisphère Sud) sont disponibles sur le site Web du Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS.³

Activité grippale saisonnière

Entre février et août 2022, une activité grippale a été signalée dans toutes les régions. Cette activité demeurait globalement inférieure à celle des années antérieures à la pandémie de COVID-19; il s'agit toutefois de la plus forte activité enregistrée sur cette période de l'année depuis le début de la pandémie. Au cours de cette période, des virus grippaux A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et B ont circulé, bien que dans des proportions variables selon les pays.

Dans la zone tempérée de l'hémisphère Nord, une augmentation de l'activité grippale a été signalée en mars et avril, suivie d'un

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

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

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

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 Vaccins antigrippaux dans les pays tropicaux et subtropicaux: voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/vaccine-in-tropics-and-subtropics>

in May and returned to inter-seasonal levels from June through August. This peak in activity occurred later than usual and followed an earlier peak in late December 2021 and early January 2022.

In Africa, influenza B viruses predominated in Egypt, while A(H3N2) viruses predominated in Algeria, Morocco and Tunisia. **In Asia**, 2 peaks of influenza detections were noted, in March and in July, with low activity in May. The majority of influenza detections were reported by China, with predominance of influenza B viruses from February through April and A(H3N2) from May to August. In other countries, the timing of peak activity varied. Influenza A(H3N2) viruses predominated in most reporting countries, while A(H1N1)pdm09 predominated in Pakistan and influenza B in Kazakhstan and Oman. **In Europe**, influenza activity peaked in April and the majority of influenza detections were reported by countries in northern and southwestern Europe: influenza A viruses predominated, with sporadic detections of influenza B. Of the influenza A viruses detected, where subtyping was performed, A(H3N2) was predominant. **In North America**, influenza activity increased from March through May in the United States of America (USA) and in May in Canada. Influenza A(H3N2) viruses predominated with small proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and B. Of the influenza B viruses where lineage was confirmed, all belonged to the B/Victoria/2/87 lineage.

Influenza activity in tropical and subtropical countries was slightly lower than in seasons prior to the COVID-19 pandemic. Countries reported influenza A and B detections in varying proportions, with an overall predominance of influenza A viruses.

In tropical and subtropical countries of Africa, influenza A(H3N2) viruses were predominant. In Kenya, A(H1N1)pdm09 viruses predominated. While both influenza type A and B viruses co-circulated in the United Republic of Tanzania, and Zambia, the A(H1N1)pdm09 subtype predominated. Influenza B viruses predominated in Côte d'Ivoire and Zimbabwe. Elsewhere, A(H3N2) detections predominated, with the majority of detections reported by Ghana during an epidemic which peaked at the end of May. Uganda reported predominance of influenza A(H3N2) until May followed by A(H1N1)pdm09 and B viruses.

In the tropical countries of south and south-east Asia, the timing of influenza activity and proportions of detected viruses varied among reporting countries. Influenza A(H1N1)pdm09 predominated in India and Pakistan, A(H3N2) in Bangladesh, Bhutan, Cambodia, Malaysia, the Maldives, the Philippines, Singapore, Sri Lanka, Thailand and Timor-Leste; influenza B in Lao People's Democratic Republic but with a recent upsurge in A(H3N2) activity. In Nepal, A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses circulated in similar proportions.

In the tropical countries of Central America, the Caribbean and South America, the peak of influenza activity varied among reporting countries. Brazil, Mexico, Nicaragua, Panama and Peru reported the

déclin en mai et d'un retour aux niveaux intersaisonniers entre juin et août. Ce pic d'activité, plus tardif qu'à l'ordinaire, faisait suite à un pic préalable survenu à la fin de décembre 2021 et au début de janvier 2022.

En Afrique, les virus grippaux B étaient prédominants en Égypte, tandis que les virus A(H3N2) prédominaient en Algérie, au Maroc et en Tunisie. En Asie, on a observé 2 pics de détection de la grippe en mars et en juillet, avec un faible niveau d'activité en mai. La plupart des détections de grippe ont été signalées par la Chine, avec une prédominance des virus grippaux B de février à avril, puis des virus A(H3N2) de mai à août. Dans les autres pays, les pics d'activité ont été atteints à des moments variables. Les virus grippaux A(H3N2) étaient prédominants dans la plupart des pays ayant communiqué des données, avec toutefois une prédominance des virus A(H1N1)pdm09 au Pakistan et des virus de la grippe B au Kazakhstan et à Oman. En Europe, l'activité grippale a culminé en avril et la plupart des détections de grippe ont été signalées par des pays d'Europe du Nord et du Sud-Ouest. Les virus de la grippe A étaient prédominants, avec quelques détections sporadiques de virus grippaux B. Parmi les virus de la grippe A ayant fait l'objet d'un sous-typage, les virus A(H3N2) étaient les plus fréquents. En Amérique du Nord, une augmentation de l'activité grippale a été observée de mars à mai aux États-Unis d'Amérique et en mai au Canada. Les virus grippaux A(H3N2) étaient prédominants, avec de faibles proportions de virus A(H1N1)pdm09 et B. Tous les virus grippaux B dont la lignée a été confirmée appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87.

Dans les pays tropicaux et subtropicaux, l'activité grippale a été légèrement plus faible que celle des saisons grippales antérieures à la pandémie de COVID-19. Dans ces pays, des détections de grippe A et B ont été signalées dans des proportions variables, avec une prédominance globale des virus grippaux A.

Dans les pays tropicaux et subtropicaux d'Afrique, les virus grippaux A(H3N2) étaient globalement prédominants. Au Kenya, on a observé une prédominance des virus A(H1N1)pdm09. La République-Unie de Tanzanie et la Zambie ont enregistré une cocirculation de virus grippaux de type A et B, mais avec une prédominance du sous-type A(H1N1)pdm09. Les virus grippaux B étaient prédominants en Côte d'Ivoire et au Zimbabwe. Dans les autres pays, les détections de virus A(H3N2) étaient les plus fréquentes, la majorité des détections ayant été signalées par le Ghana dans le cadre d'une épidémie qui a culminé à la fin du mois de mai. L'Ouganda a indiqué que les virus A(H3N2) ont prédominé jusqu'en mai, suivis des virus A(H1N1)pdm09 et B.

Dans les pays tropicaux d'Asie du Sud et du Sud-Est, la chronologie de l'activité grippale et les proportions de virus détectés variaient d'un pays à l'autre. Les virus prédominants étaient ceux de la grippe A(H1N1)pdm09 en Inde et au Pakistan, de la grippe A(H3N2) au Bangladesh, au Bhoutan, au Cambodge, en Malaisie, aux Maldives, aux Philippines, à Singapour, au Sri Lanka, en Thaïlande et au Timor-Leste, et de la grippe B en République démocratique populaire lao, où l'on a toutefois observé une hausse récente de l'activité des virus A(H3N2). Au Népal, les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont circulé dans des proportions similaires.

Dans les pays tropicaux d'Amérique centrale, des Caraïbes et d'Amérique du Sud, le pic d'activité grippale était variable selon les pays. La majorité des détections de grippe dans cette région ont été signalées par le Brésil, le Mexique, le Nicaragua,

majority of influenza detections in this region. Influenza A(H3N2) predominated in most reporting countries, with few detections of A(H1N1)pdm09 and influenza B viruses.

In the temperate zones of the southern hemisphere, influenza activity remained low until March when regional to widespread activity was reported by a number of countries, with a majority of influenza A(H3N2) viruses and, to a lesser extent, A(H1N1)pdm09 and B viruses. In temperate South America, influenza activity peaked in March in Argentina and in May to June in Chile, Paraguay and Uruguay, with the majority of detections being influenza A(H3N2) in these countries. In South Africa, the season began in May and peaked in June, with the majority of detections reported as influenza A(H1N1)pdm09. As influenza activity declined, greater proportions of A(H3N2) and B viruses were detected. In Oceania, high levels of influenza A(H3N2) activity, with few detections of A(H1N1)pdm09 and influenza B viruses, were reported in June and July. In Australia, influenza activity increased in May, and peaked in mid-June which was earlier than in typical seasons. Of the influenza B viruses where lineage was determined, only B/Victoria/2/87-like viruses were reported.

Influenza A

Globally, influenza A virus detections outnumbered those of influenza B during this period. Influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses were reported in most regions. In Africa, proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) varied among reporting countries. Influenza A(H1N1)pdm09 viruses were predominant in Kenya, South Africa, United Republic of Tanzania, and Zambia, while elsewhere influenza A(H3N2) dominated. In Asia, A(H3N2) viruses were predominant in all reporting countries except in India and Pakistan where A(H1N1)pdm09 predominated. In Europe, the Americas, and Oceania, both A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses co-circulated, with a predominance of A(H3N2).

Influenza B

Globally, influenza B virus detections were much lower than those for influenza A during this period. Influenza B viruses predominated in some countries in Africa (Côte d'Ivoire, Egypt and Zimbabwe) and in Asia (Lao People's Democratic Republic and Oman). All circulating influenza B viruses, where lineage was confirmed, belonged to the B/Victoria/2/87 lineage (*Map 1*).

Zoonotic influenza infections

In the period from 24 February 2022 to 19 September 2022, 7 human cases of A(H5N6) virus infection in China and one detection of an A(H5N1) virus in the United States of America were reported. Three cases of A(H9N2) infection were reported in China (2) and Cambodia (1). Two cases of A(H3N8) and one case of A(H10N3) virus infection were reported in China.

Two cases of A(H1N1)v virus infection were reported, one each in China and in Germany, and 5 cases of

le Panama et le Pérou. Les virus grippaux A(H3N2) étaient prédominants dans la plupart des pays ayant communiqué des données, avec quelques détections de virus A(H1N1)pdm09 et de virus de la grippe B.

Dans les zones tempérées de l'hémisphère Sud, l'activité grippale est restée faible jusqu'en mars, puis un certain nombre de pays ont signalé une activité régionale ou de grande ampleur, essentiellement imputable aux virus grippaux A(H3N2) et, dans une moindre mesure, aux virus A(H1N1)pdm09 et B. Dans les zones tempérées d'Amérique du Sud, l'activité grippale a culminé en mars en Argentine et de mai à juin au Chili, au Paraguay et en Uruguay, la majorité des virus détectés dans ces pays étant des virus A(H3N2). En Afrique du Sud, la saison a commencé en mai et a culminé en juin, avec une prédominance des virus A(H1N1)pdm09. Dans la période de déclin de l'activité grippale, des proportions plus importantes de virus A(H3N2) et B ont été détectées. En Océanie, une forte activité des virus A(H3N2), avec quelques détections de virus A(H1N1)pdm09 et B, a été constatée en juin et juillet. En Australie, l'activité grippale a augmenté en mai et a culminé à la mi-juin, plus tôt qu'à l'ordinaire. Parmi les virus grippaux B dont la lignée a été déterminée, seuls des virus de type B/Victoria/2/87 ont été signalés.

Grippe A

À l'échelle mondiale, les détections de virus grippaux A ont été plus nombreuses que celles des virus grippaux B au cours de cette période. Des virus grippaux A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont été signalés dans la plupart des régions. En Afrique, ces deux virus ont été détectés dans des proportions variables selon les pays. Les virus A(H1N1)pdm09 étaient prédominants en Afrique du Sud, au Kenya, en République-Unie de Tanzanie et en Zambie, tandis qu'ailleurs, les virus A(H3N2) prédominaient. En Asie, les virus A(H3N2) étaient prédominants dans tous les pays qui ont communiqué des données, à l'exception de l'Inde et du Pakistan, où une prédominance des virus A(H1N1)pdm09 a été observée. En Europe, dans les Amériques et en Océanie, les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont cocirculé, avec une prédominance de A(H3N2).

Grippe B

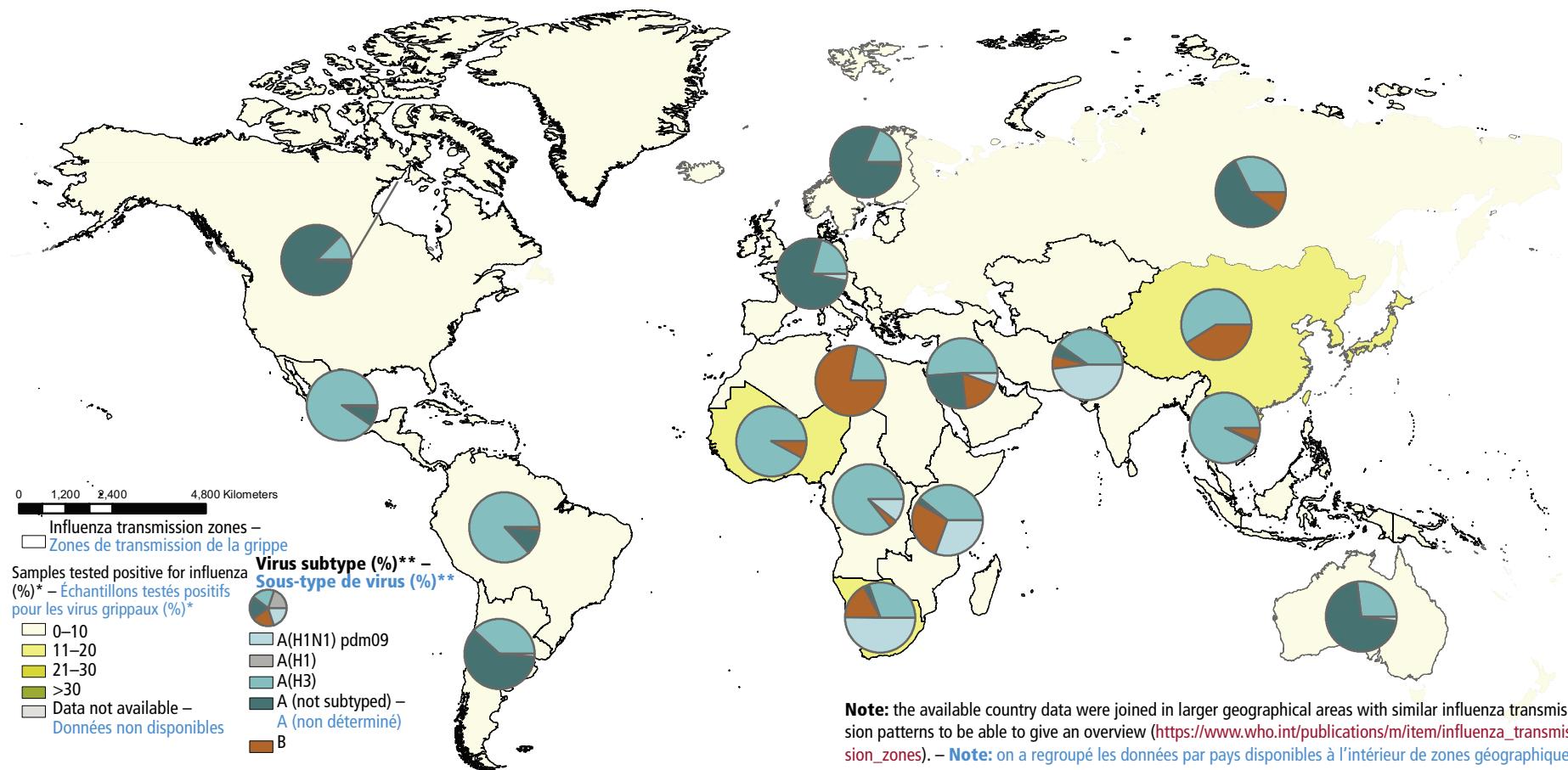
À l'échelle mondiale, les détections de virus grippaux B ont été beaucoup moins nombreuses que celles des virus grippaux A au cours de cette période. Les virus de la grippe B étaient prédominants dans certains pays d'Afrique (Côte d'Ivoire, Égypte et Zimbabwe) et d'Asie (Oman et République démocratique populaire lao). Tous les virus grippaux B circulants dont la lignée a été confirmée appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87 (*Carte 1*).

Infections grippales zoonotiques

Dans la période du 24 février au 19 septembre 2022, 7 cas humains d'infection par un virus A(H5N6) ont été notifiés en Chine et une détection de virus A(H5N1) a été signalée aux États-Unis d'Amérique. Trois cas d'infection à A(H9N2) ont été notifiés, dont 2 en Chine et 1 au Cambodge. La Chine a également signalé 2 cas d'infection à A(H3N8) et 1 cas d'infection à A(H10N3).

On a en outre signalé 2 cas d'infection par des virus A(H1N1)v, dont 1 en Chine et 1 en Allemagne, 5 cas d'infection par des

Map 1 Distribution of influenza-virus subtypes by influenza transmission zone, February–August 2022
 Carte 1 Répartition des sous-types de virus grippaux par zone de transmission de la grippe, février-août 2022



Note: the available country data were joined in larger geographical areas with similar influenza transmission patterns to be able to give an overview (https://www.who.int/publications/m/item/influenza_transmission_zones). – **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 (https://www.who.int/publications/m/item/influenza_transmission_zones).

Source: WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)/ Flunet (<https://www.who.int/tools/flunet>). – Système mondial OMS de surveillance de la grippe et de riposte/Flunet (<https://www.who.int/tools/flunet>).

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) 2022. All rights reserved. – © Organisation mondiale de la Santé (OMS) 2022. Tous droits réservés.

A(H1N2)v virus infection were reported in the United States of America. Three cases of A(H3N2)v virus infection were reported in the United States of America.

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

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses

A(H1N1)pdm09 viruses have circulated in many parts of the world. Since 1 February 2022 viruses have been characterized from Europe, North America, parts of Central and South America, southern, east and west Africa, the Middle East, the Indian subcontinent, Japan, Australia and New Zealand.

Genetically characterized viruses had haemagglutinin (HA) genes that belong to phylogenetic clade 6B.1A.5a (5a), characterized by HA1 amino acid substitutions N129D, T185I and N260D, which grouped in 2 major subclades: 5a.1 defined by HA amino acid substitutions D187A and Q189E in antigenic site Sb and 5a.2 defined by amino acid substitutions in the receptor binding site and antigenic site Sa (*Figure 1*).

Subclade 5a.2 viruses collected after January 2022 have further diversified with additional HA1 amino acid substitutions (K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K and K308R), some of which are located in antigenic site Sb. There are a number of emerging subgroups, such as viruses with HA1 substitutions K142R and P137S, both of which are in antigenic site Ca, and another defined by T216A (*Figure 1*).

The antigenic characteristics of A(H1N1)pdm09 viruses were assessed in haemagglutination inhibition (HI) assays with post-infection ferret antisera (*Table 1*). HI results for viruses with collection dates after January 2022 showed that the majority of 5a.1 viruses were recognized well by antisera raised against the previous vaccine virus (egg- and cell culture-propagated A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019-like 5a.1 viruses). Viruses in subclade 5a.2 were recognized poorly by these 5a.1 antisera. Ferret antisera raised against cell culture- and egg-propagated A/Victoria/2570/2019 vaccine viruses recommended for the NH 2021-2022 and 2022-2023, and the SH 2022 seasons, recognized 5a.2 viruses well despite substitutions at known antigenic sites compared with the vaccine viruses. These ferret antisera recognized 5a.1 viruses poorly. However, a pool of sera from adults who had received the SH 2022 egg-based vaccine generally showed good recognition of both 5a.1 and 5a.2 viruses, though a subgroup of 5a.2 viruses that have HA1 K142R and P137S substitutions was recognized less well (*Table 1*).

Human serology studies used 3 serum panels from adults (18–64 years) and elderly adults (≥65 years) who had received egg-based quadrivalent inactivated

virus A(H1N2)v aux États-Unis d'Amérique, et 3 cas d'infection à A(H3N2)v aux États-Unis d'Amérique.

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

Virus grippaux A(H1N1)pdm09

Une circulation de virus A(H1N1)pdm09 a été observée dans de nombreuses régions du monde. Depuis le 1^{er} février 2022, des virus détectés en Europe, en Amérique du Nord, dans certaines parties d'Amérique centrale et d'Amérique du Sud, en Afrique australe, orientale et occidentale, au Moyen-Orient, sur le sous-continent indien, au Japon, en Australie et en Nouvelle-Zélande ont été caractérisés.

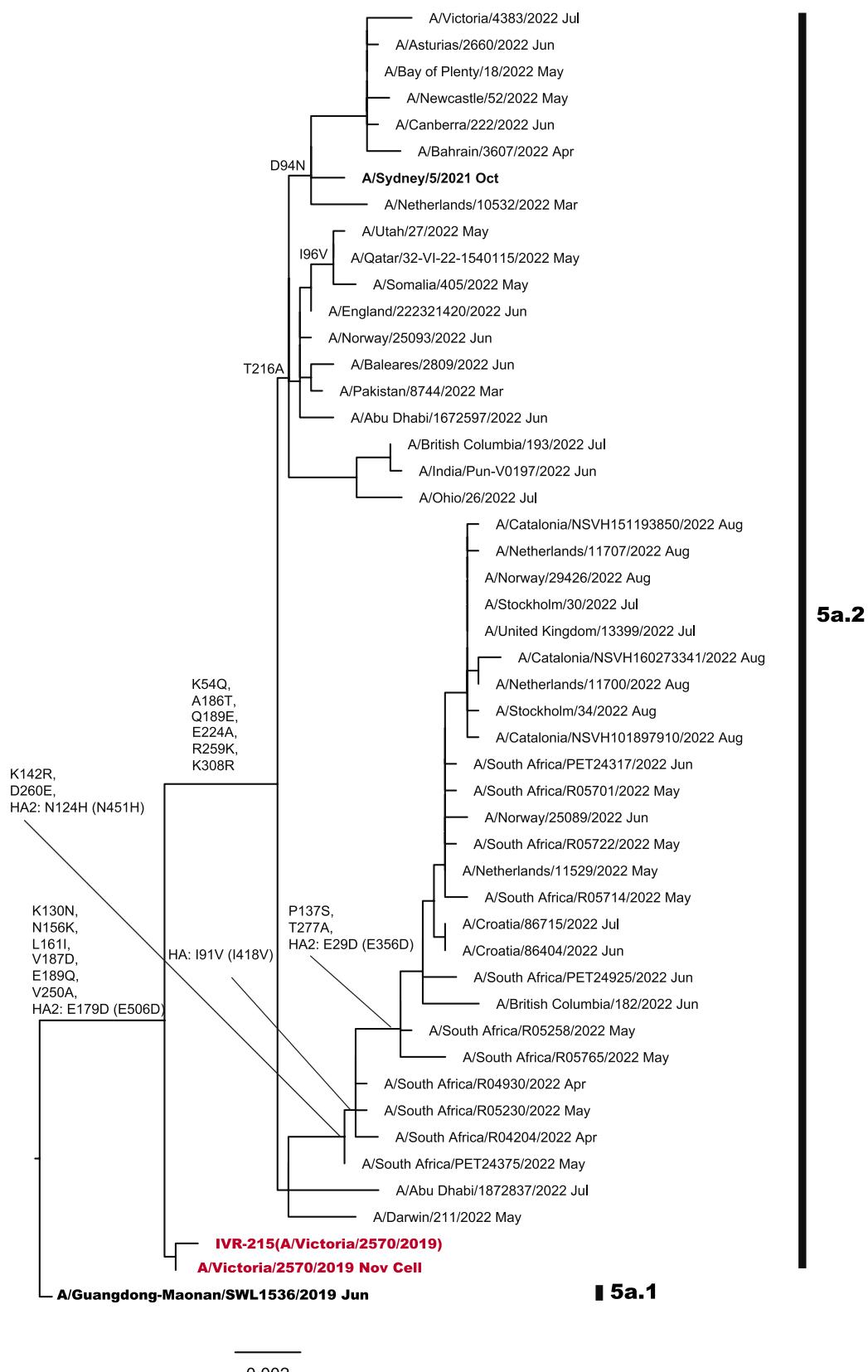
Les virus ayant fait l'objet d'une caractérisation génétique possédaient des gènes de l'hémagglutinine (HA) appartenant au clade phylogénétique 6B.1A.5a (5a), caractérisé par les substitutions d'acides aminés N129D, T185I et N260D au niveau de la sous-unité HA1. Ce clade regroupe 2 sous-clades principaux: 5a.1, défini par les substitutions d'acides aminés D187A et Q189E au niveau du site antigénique Sb, et 5a.2, défini par des substitutions d'acides aminés au niveau du site de liaison au récepteur et du site antigénique Sa (*Figure 1*).

On a constaté une diversification supplémentaire des virus du sous-clade 5a.2 recueillis après janvier 2022, avec l'ajout de nouvelles substitutions d'acides aminés sur HA1 (K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K et K308R), dont certaines se trouvent au niveau du site antigénique Sb. Il existe plusieurs sous-groupes émergents, notamment des virus porteurs de substitutions K142R et P137S sur HA1, toutes deux situées au niveau du site antigénique Ca, ainsi qu'un autre sous-groupe défini par la présence d'une substitution T216A (*Figure 1*).

Les caractéristiques antigéniques des virus A(H1N1)pdm09 ont été déterminées au moyen d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination (IH) réalisées avec des antisérum de furet postinfection (*Tableau 1*). Les résultats obtenus avec les virus recueillis après janvier 2022 ont montré que la majorité des virus 5a.1 étaient bien reconnus par les antisérum dirigés contre le précédent virus vaccinal (virus 5a.1 de type A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 propagé sur œufs et en culture cellulaire). Les virus du sous-clade 5a.2 étaient mal reconnus par ces antisérum 5a.1. Les antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux A/Victoria/2570/2019 propagés en culture cellulaire et sur œufs (qui étaient recommandés pour les saisons 2021-2022 et 2022-2023 de l'hémisphère Nord et pour la saison 2022 de l'hémisphère Sud) ont bien reconnu les virus 5a.2, malgré les substitutions dont ces derniers étaient porteurs sur des sites antigéniques connus par rapport aux virus vaccinaux. Les virus 5a.1 étaient mal reconnus par ces antisérum de furet. Cependant, lorsque l'on a utilisé des échantillons groupés de sérum provenant d'adultes ayant reçu le vaccin préparé sur œufs de la saison 2022 de l'hémisphère Sud, les virus 5a.1 et 5a.2 étaient généralement tous deux bien reconnus, avec toutefois une reconnaissance moins bonne d'un sous-groupe de virus 5a.2 présentant des substitutions K142R et P137S au niveau de HA1 (*Tableau 1*).

Les études sérologiques chez l'homme ont été effectuées à l'aide de 3 panels de sérum provenant d'adultes (18-64 ans) et de personnes âgées (≥65 ans) qui avaient reçu un vaccin quadri-

Figure 1 Phylogenetic tree for the haemagglutinin genes of representative subclade 6B.1A.5a.2 viruses
 Figure 1 Arbre phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus représentatifs du sous-clade 6B.1A.5a.2



A phylogeny of 5a.2 viruses collected after 2022 was rooted to the previously recommended 5a.1 vaccine virus (A/Guangdong-Moanan/SWL1536/2019) and followed by the A/victoria/2570/2019 5a.2 cell culture-and- egg-propagated vaccine viruses. – La racine phylogénétique des virus 5a.2 collectés après 2022 correspond au virus vaccinal 5a.1 précédemment recommandé (A/Guangdong-Moanan/SWL1536/2019), puis aux virus vaccinaux 5a.2 (A/victoria/2570/2019) préparés en culture cellulaire et propagés sur œufs.

Table 1 Haemagglutination inhibition assays of recently circulating A(H1N1)pdm09 viruses

Tableau 1 Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination réalisées avec les virus A(H1N1)pdm09 récemment en circulation

Reference viruses – Virus de référence	Virus passage details – Informations sur les passages du virus	Clade	Post-infection ferret antiserum – Référence antisérum de furet post-infection							Human serum pool – Pool de sérum humains
			E4 Guang/SWL1536 5a.1	SIAT1 Vic2455 5a.1	S3, MDCK1 Togo881 5a.1	MDCK1 Vic2570 5a.2	E4 Vic2570 5a.2	E3 Syd5 5a.2		
A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019	E4	5a.1	1280	2560	2560	<80	<80	80	320	
A/Victoria/2455/2019	MDCK3	5a.1	1280	1280	1280	<80	<80	80	640	
A/Togo/881/2020	S3, MDCK2	5a.1	2560	2560	2560	<80	80	160	640	
A/Victoria/2570/2019	MDCK1	5a.2	80	80	<80	320	320	320	160	
A/Victoria/2570/2019	E6	5a.2	80	80	<80	1280	1280	1280	640	
A/Sydney/5/2021	E3	5a.2	<80	80	<80	2560	1280	2560	640	
Test viruses – Virus d'épreuve										
A/Sydney/894/2022	MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	1280	1280	1280	320	
A/Perth/184/2022	MDCK1, MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	640	1280	1280	320	
A/Canberra/222/2022	MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	1280	1280	2560	320	
A/Darwin/488/2022	SIAT2	5a.2	<80	<80	<80	640	1280	1280	320	
A/South Africa/R05765/2022	MDCK1, MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	640	640	640	80	
A/South Africa/R05258/2022	MDCK1, MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	1280	1280	1280	160	
A/South Africa/R04994/2022	MDCK1, MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	1280	1280	2560	160	
A/South Africa/R03645/2022	MDCK1, MDCK1	5a.2	<80	<80	<80	1280	1280	2560	160	
A/Sydney/877/2022	MDCK1	5a.1	1280	2560	2560	<80	<80	80	640	
A/Sydney/866/2022	MDCK1	5a.1	2560	2560	2560	<80	80	80	640	
A/Sydney/869/2022	MDCK1	5a.1	2560	2560	2560	<80	<80	80	640	
A/South Africa/R05655/2022	MDCK1, MDCK1	5a.1	1280	1280	1280	<80	<80	<80	320	
A/South Africa/R05558/2022	MDCK1, MDCK1	5a.1	1280	2560	1280	<80	<80	80	320	
A/South Africa/R05539/2022	MDCK1, MDCK1	5a.1	1280	2560	1280	<80	<80	80	640	

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

vaccines (standard or adjuvanted) or cell culture-based quadrivalent inactivated vaccine formulated for the SH 2022 season. SH 2022 egg-based vaccines contained antigens from A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like, A/Darwin/09/2021 (H3N2)-like, B/Austria/1359417/2021-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013-like (B/Yamagata lineage) viruses; cell-based vaccines contained antigens from A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like, A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like, B/Austria/1359417/2021-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like viruses.

Four serum panels from children (6 months to 17 years) and adults (18–64 years) who had received egg-based

valent inactivé préparé sur œufs (standard ou adjuvanté) ou un vaccin quadrivalent inactivé préparé en culture cellulaire, tels que formulés pour la saison grippale 2022 de l'hémisphère Sud. Les vaccins préparés sur œufs contenaient des antigènes de virus de type A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09, A/Darwin/09/2021 (H3N2), B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata); les vaccins préparés en culture cellulaire contenaient des antigènes de virus de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09, A/Darwin/6/2021 (H3N2), B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

On a également utilisé 4 panels de sérum provenant d'enfants (âgés de 6 mois à 17 ans) et d'adultes (18–64 ans) qui avaient

quadrivalent inactivated vaccines or cell culture-based quadrivalent inactivated vaccine formulated for the NH 2021–2022 season were also used. NH 2021–2022 egg-based vaccines contained antigens from A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like, A/Cambodia/e0826360/2020 (H3N2)-like, B/Washington/02/2019-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013-like (B/Yamagata lineage) viruses; NH 2021–2022 cell culture-based vaccines contained A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like, A/Cambodia/e0826360/2020 (H3N2)-like, B/Washington/02/2019-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013-like virus antigens.

Human serology studies using these serum panels showed minor reductions in post-vaccination HI geometric mean titres (GMTs) for the majority of recently circulating, representative A(H1N1)pdm09 5a.1 viruses when compared to cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019-virus. However, significant reductions in HI GMTs were observed for some 5a.2 viruses with additional HA1 amino acid substitutions A186T, Q189E, T216A and E224A, notably so for those with additional amino acid substitutions P137S and K142R (e.g. A/South Africa/R06166/2022) (Figure 2). When measured against egg-propagated A/Victoria/2570/2019, most recent A(H1N1)pdm09 viruses showed significantly reduced GMTs.

Of 879 A(H1N1)pdm09 viruses collected after January 2022 and examined for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analysis, 5 viruses had an H275Y substitution in the neuraminidase. Of these 5, 4 were available for phenotypic analysis and showed highly reduced inhibition by oseltamivir and peramivir, and normal inhibition by zanamivir and laninamivir. Of 607 A(H1N1)pdm09 viruses examined by genetic and/or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir.

Influenza A(H3N2) viruses

Phylogenetic analysis of the HA gene of A(H3N2) viruses collected since 1 February 2022 showed that viruses belonging to genetic subclade 3C.2a1b.2a.2 (2a.2) with the HA1 substitutions Y159N, T160I (resulting in the loss of a glycosylation site), L164Q, G186D, D190N, F193S and Y195F predominated globally and were detected in all regions. The 2a.2 HA further diversified into 4 genetic groups containing H156Q or H156S and D53G or H156S and D53N or D53G, that circulated in different proportions in different regions. However, viruses belonging to 3C.2a1b subclade 2a.1 (HA1 substitutions G186S, F193S, Y195F and S198P) predominated in China and early in 2022 in Timor-Leste. Viruses reported from China had additional substitutions K171N and I48T in HA1.

Generally, ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like viruses and egg-propagated A/Darwin/9/2021-like viruses (2a.2), representing the vaccine viruses for the SH 2022 and NH 2022–2023 influenza seasons, recognized recent 2a.2 viruses

reçu des vaccins quadrivalents inactivés, préparés sur œufs ou en culture cellulaire, formulés pour la saison 2021–2022 de l'hémisphère Nord. Les vaccins préparés sur œufs de la saison 2021–2022 de l'hémisphère Nord contenaient des antigènes de virus de type A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09, A/Cambodia/e0826360/2020 (H3N2), B/Washington/02/2019 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata); les vaccins préparés en culture cellulaire de la saison 2021–2022 de l'hémisphère Nord contenaient des antigènes de virus de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09, A/Cambodia/e0826360/2020 (H3N2), B/Washington/02/2019 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013.

Dans les études sérologiques menées chez l'homme avec ces panels de sérum, la moyenne géométrique des titres (MGT) d'anticorps postvaccination contre la plupart des virus représentatifs A(H1N1)pdm09 du groupe 5a.1 récemment en circulation, telle que déterminée par des épreuves d'IH, n'était que très légèrement réduite par rapport aux titres obtenus pour les virus A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire. En revanche, une baisse significative de la MGT a été observée pour certains virus 5a.2 porteurs des substitutions d'acides aminés supplémentaires A186T, Q189E, T216A et E224A sur HA1, en particulier ceux qui présentaient en outre les substitutions P137S et K142R (par exemple A/South Africa/R06166/2022) (Figure 2). La MGT obtenue contre la plupart des virus A(H1N1)pdm09 récents était notablement inférieure aux titres observés avec les virus A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs.

Sur les 879 virus A(H1N1)pdm09 recueillis après janvier 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase (INA), 5 virus présentaient une substitution H275Y au niveau de la neuraminidase. Sur ces 5 virus, 4 étaient disponibles pour une analyse phénotypique, laquelle a mis en évidence une forte réduction de l'inhibition par l'oseltamivir et le péramivir et une inhibition normale par le zanamivir et le laninamivir. Aucun des 607 virus A(H1N1)pdm09 soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique ne présentait de signe de sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir.

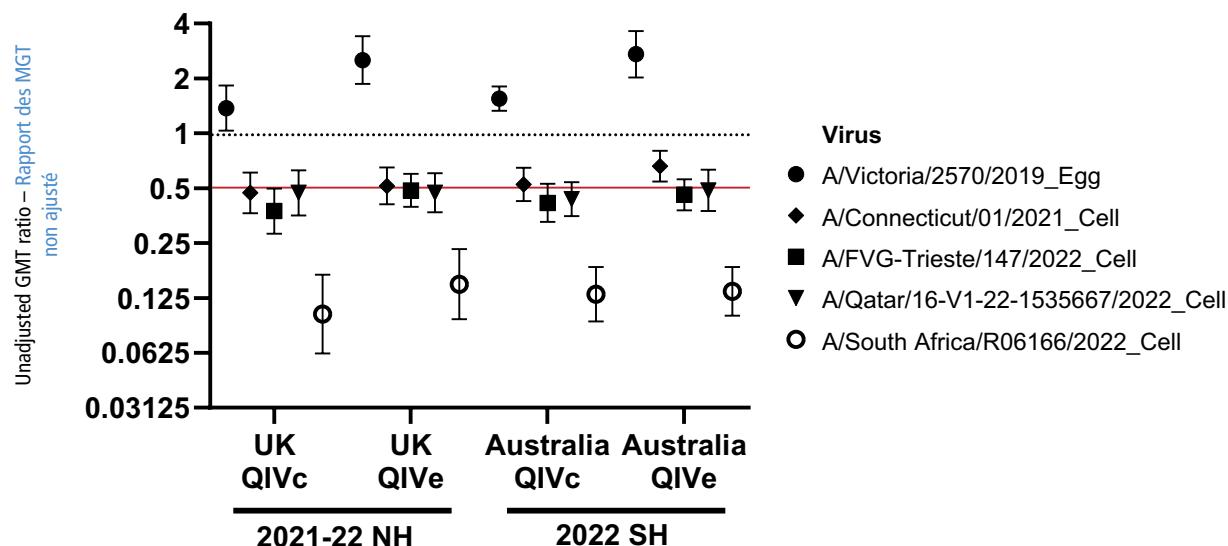
Virus grippaux A(H3N2)

L'analyse phylogénétique du gène HA des virus A(H3N2) recueillis depuis le 1^{er} février 2022 a montré que les virus appartenant au sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2 (2a.2) et porteurs des substitutions Y159N, T160I (entraînant la perte d'un site de glycosylation), L164Q, G186D, D190N, F193S et Y195F au niveau de HA1 étaient prédominants à l'échelle mondiale; ils ont été détectés dans toutes les régions. Ce sous-clade 2a.2 a subi une diversification supplémentaire en 4 groupes génétiques de virus contenant les substitutions H156Q ou H156S et D53G ou H156S et D53N ou D53G, lesquels ont circulé dans des proportions variables dans différentes régions. Cependant, les virus appartenant au sous-clade 3C.2a1b.2a.1 (2a.1), porteurs des substitutions G186S, F193S, Y195F et S198P au niveau de HA1, étaient prédominants en Chine et, au début de 2022, au Timor-Leste. Les virus signalés en Chine présentaient des substitutions supplémentaires K171N et I48T sur HA1.

De façon générale, les antisérum de furet dirigés contre les virus 2a.2 de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et de type A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs, représentant les virus vaccinaux recommandés pour la saison 2022 de l'hémisphère Sud et la saison 2022–2023 dans l'hémisphère

Figure 2 A(H1N1)pdm09 post-vaccination human serology analysis

Figure 2 Analyse sérologique humaine postvaccination réalisée avec des virus A(H1N1)pdm09



possessing the HA1 substitution H156S well. However, a small number of 2a.2 viruses without the H156S substitution reacted less well with these antisera. Recent 2a.1 viruses, including those with additional HA1 substitutions, were recognized well by ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Cambodia/e0826360/2020-like viruses (2a.1), but were recognized less well by ferret antisera raised against 2a.2 viruses (cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like and egg-propagated A/Darwin/9/2021-like viruses).

Human serology studies were conducted with human serum panels from the SH 2022 season as described above, using HI and virus neutralization (VN) assays. Geometric mean HI and VN titres against most recent representative A(H3N2) viruses from genetic groups 2a.2 and 2a.1 were not significantly reduced compared to titres against the cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 vaccine virus. Reductions of VN GMTs were more pronounced when compared to egg-propagated A/Darwin/9/2021-like reference viruses.

Of 4577 influenza A(H3N2) viruses collected after January 2022 and examined for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced inhibition by neuraminidase inhibitors. Of 3250 A(H3N2) viruses examined for endonuclease inhibitor baloxavir susceptibility by genetic and/or phenotypic analysis, one showed evidence of reduced susceptibility to baloxavir and had an E23G substitution in the PA protein.

Influenza B viruses

Globally, influenza B viruses represented 4.7% of the viruses detected since 1 February 2022, and all of those

Nord, ont bien reconnu les récents virus 2a.2 porteurs de la substitution H156S sur HA1. Cependant, un petit nombre de virus 2a.2 dépourvus de la substitution H156S ont moins bien réagi avec ces antisérum. Les virus 2a.1 récents, y compris ceux porteurs de substitutions supplémentaires sur HA1, ont été bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus 2a.1 de type A/Cambodia/e0826360/2020 propagés en culture cellulaire, mais moins bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus 2a.2 (de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs).

Des études sérologiques ont été menées chez l'homme au moyen d'épreuves d'IH et de neutralisation virale avec des panels de sérum provenant de personnes ayant reçu un vaccin formulé pour la saison 2022 de l'hémisphère Sud comme décrit ci-dessus. Dans les épreuves d'IH et de neutralisation virale, la moyenne géométrique des titres d'anticorps dirigés contre les virus A(H3N2) représentatifs les plus récents des groupes génétiques 2a.2 et 2a.1 n'était pas significativement réduite par rapport aux titres obtenus avec les virus vaccinaux A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire. Dans les épreuves de neutralisation virale, la baisse de la MGT était plus prononcée lorsque la comparaison portait sur les virus de référence de type A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs.

Sur les 4577 virus grippaux A(H3N2) recueillis après janvier 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux inhibiteurs de la neuramidase (INA), aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par les INA. Sur les 3250 virus A(H3N2) soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir, un virus portant la substitution E23G au niveau de la protéine PA a montré des signes de sensibilité réduite au baloxavir.

Virus grippaux B

Les virus de la grippe B représentaient 4,7% des virus détectés dans le monde à partir du 1^{er} février 2022, et tous ceux qui ont

tested belonged to the B/Victoria/2/87 lineage. There have been no confirmed detections of circulating B/Yamagata/16/88 lineage viruses after March 2020.

The HA genes of B/Victoria lineage viruses characterized during this period belonged to clade 1A.3 which share the substitution K136E and a triple amino acid deletion in HA1 (positions 162-164). The majority of clade 1A.3 HA genes encode further substitutions N150K, G184E, N197D (resulting in the loss of a glycosylation site) and R279K in HA1 and belong to group 1A.3a. A small number of 1A.3 viruses continue to circulate and recent viruses detected in Kenya and the Netherlands have acquired additional substitutions K75E, E128K, T155A and G230N in HA1. The 1A.3a HA diversified into 2 main subgroups, one with additional HA1 substitutions V220M and P241Q (3a.1) and the other with HA1 substitutions A127T, P144L and K203R (3a.2). HA subgroup 3a.1 represented a small proportion of the viruses circulating in early 2022 in China. The 3a.2 HA subgroup has predominated in Africa, Asia (including China), Europe, North America, Oceania, and South America. The majority of viruses in the 3a.2 HA subgroup have the additional substitution D197E in HA1.

Antigenic analysis showed that post-infection ferret antisera raised against B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a.2) recognized the predominant 3a.2 subgroup well, but recognized other viruses less well. Ferret antisera raised against B/Sichuan-Jingyang/12048/2019-like viruses (3a.1) recognized viruses in subgroup 3a.1 well but subgroup 3a.2 viruses less well. The viruses in subclade 1A.3 that have continued to evolve were not recognized well by ferret antisera raised against B/Washington/02/2019-like viruses (1A.3) and were poorly recognized by ferret antisera raised against B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a.2).

Human serology studies, using the serum panels from the SH 2022 described above, did not show significant reductions in post-vaccination HI GMTs against the majority of recent representative B/Victoria lineage viruses from the 3a.2 subgroup when compared to the egg or cell culture-propagated B/Austria/1359417/2021 vaccine viruses. Significant reductions were detected with most serum panels for viruses from clade 1A.3 with additional amino acid substitutions K75E, E128K, T155A and G230N. Due to the lack of available recent viruses, human serology studies were not performed for the B/Yamagata lineage.

Of 858 influenza B/Victoria lineage viruses collected since 1 February 2022 and examined for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analysis, one had a D197N substitution in the NA and showed evidence of reduced inhibition by neuraminidase inhibitors oseltamivir and zanamivir. Of 497 B/Victoria lineage viruses examined by genetic and/or phenotypic analysis, none showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir.

étaient analysés appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. Il n'y a pas eu de détection confirmée de virus circulant de la lignée B/Yamagata/16/88 depuis mars 2020.

Les gènes HA des virus de la lignée B/Victoria qui ont été caractérisés pendant cette période appartenaient au clade 1A.3, qui présente à la fois une substitution K136E et une triple délétion d'acides aminés sur HA1 (positions 162-164). La majorité des gènes HA du clade 1A.3 codent en outre les substitutions N150K, G184E, N197D (entrant la perte d'un site de glycosylation) et R279K au niveau de HA1 et appartiennent au groupe 1A.3a. Un petit nombre de virus 1A.3 continue de circuler et les virus récemment détectés au Kenya et aux Pays-Bas ont acquis des substitutions supplémentaires K75E, E128K, T155A et G230N sur HA1. Le groupe 1A.3a s'est diversifié en deux principaux sous-groupes, l'un porteur des substitutions supplémentaires V220M et P241Q (3a.1) et l'autre des substitutions A127T, P144L et K203R (3a.2) au niveau de HA1. Le sous-groupe 3a.1 représentait une faible proportion des virus qui circulaient au début de 2022 en Chine. Le sous-groupe 3a.2 était prédominant en Afrique, en Amérique du Nord, en Amérique du Sud, en Asie (y compris en Chine), en Europe et en Océanie. La majorité des virus du sous-groupe 3a.2 sont porteurs d'une substitution supplémentaire D197E sur HA1.

Les analyses antigéniques ont montré que les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2) reconnaissaient bien les virus du sous-groupe 3a.2 prédominant, mais moins bien les autres virus. Les antisérum de furet dirigés contre les virus de type B/Sichuan-Jingyang/12048/2019 (3a.1) reconnaissaient bien les virus du sous-groupe 3a.1, mais moins bien ceux du sous-groupe 3a.2. Les virus du sous-clade 1A.3 qui ont continué d'évoluer n'étaient pas bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus de type B/Washington/02/2019 (1A.3), ni par ceux dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2).

Les études sérologiques effectuées chez l'homme à l'aide des panels de sérum décrits ci-dessus, provenant de personnes ayant reçu un vaccin formulé pour la saison 2022 de l'hémisphère Sud, ont montré que la MGT d'anticorps postvaccination dirigés contre la plupart des virus représentatifs récents de la lignée B/Victoria du sous-groupe 3a.2, telle que déterminée par les épreuves d'IH, n'était pas significativement inférieure aux titres obtenus pour les virus vaccinaux B/Austria/1359417/2021 propagés sur œufs ou en culture cellulaire. Des réductions notables de la MGT ont été constatées avec la plupart des panels de sérum pour les virus du clade 1A.3 porteurs des substitutions d'acides aminés supplémentaires K75E, E128K, T155A et G230N. Pour la lignée B/Yamagata, aucune étude sérologique humaine n'a été réalisée en raison du manque de virus récents disponibles.

Sur les 858 virus grippaux de la lignée B/Victoria recueillis depuis le 1^{er} février 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux INA, un virus était porteur d'une substitution D197N sur la neuraminidase et présentait des signes d'inhibition réduite par l'oseltamivir et le zanamivir. Aucun des 497 virus de la lignée B/Victoria soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique n'a montré de sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir.

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses collected since 1 February 2022 with HA genes that belonged to 2 subclades, 6B.1A.5a.1 (5a.1) and 6B.1A.5a.2 (5a.2), circulated in different geographic locations. Viruses in the 5a.2 subclade continue to diversify and recently circulating viruses (represented by A/Sydney/5/2021) share substitutions in antigenic site Sb. Post-infection ferret antisera raised against the NH 2021-2022 and SH 2022 A(H1N1)pdm09 vaccine components (egg-propagated A/Victoria/2570/2019 and cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019 (5a.2)) recognized 5a.2 viruses well, but 5a.1 viruses poorly. However, human serology assays showed markedly reduced post-vaccination GMTs against a substantial number of recent cell culture-propagated 5a.2 viruses in most serum panels when compared to titres against cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019 or egg-propagated A/Victoria/2570/2019 A(H1N1)pdm09-like vaccine viruses.

The vast majority of A(H3N2) viruses collected since 1 February 2022 had HA genes that belonged to genetic group 3C.2a1b.2a.2 (2a.2). The majority of recently circulating viruses were recognized well by ferret antisera raised against 2a.2 viruses, such as cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 and egg-propagated A/Darwin/9/2021. Human serology assays showed that post-vaccination GMTs against most recent representative A(H3N2) viruses from genetic groups 2a.2 and 3C.2a1b.2a.1 were not significantly reduced compared to titres against the cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 vaccine virus.

All circulating influenza B viruses collected since 1 February 2022 were of the B/Victoria/2/87 lineage. Most recent viruses belonged to genetic subgroups 1A.3a.1 or 1A.3a.2 (3a.2), and the latter predominated. The great majority of the circulating viruses were recognized well by ferret antisera raised against cell culture- and egg-propagated B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a.2). Human serology assays showed that post-vaccination GMTs against most recent representative B/Victoria lineage viruses from genetic subgroup 3a.2 were not significantly reduced compared to titres against the cell culture-propagated B/Austria/1359417/2021 vaccine virus.

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

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud

Les virus grippaux A(H1N1)pdm09 recueillis depuis le 1^{er} février 2022 possédaient des gènes HA appartenant à 2 sous-clades, 6B.1A.5a.1 (5a.1) et 6B.1A.5a.2 (5a.2), et ont circulé dans différentes zones géographiques. Les virus du sous-clade 5a.2 continuent de se diversifier et les virus récemment en circulation (représentés par A/Sydney/5/2021) présentent des substitutions au niveau du site antigénique Sb. Les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 recommandés pour la saison 2021-2022 de l'hémisphère Nord et la saison 2022 de l'hémisphère Sud (A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs et A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire (5a.2)) ont bien reconnu les virus 5a.2, mais mal reconnu les virus 5a.1. Cependant, les études sérologiques menées chez l'homme ont montré qu'avec la plupart des panels de sérum, la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre de nombreux virus 5a.2 récents propagés en culture cellulaire était nettement inférieure aux titres obtenus pour les virus vaccinaux de type A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire ou A/Victoria/2570/2019 A(H1N1)pdm09 propagés sur œufs.

La grande majorité des virus A(H3N2) recueillis depuis le 1^{er} février 2022 possédaient des gènes HA appartenant au groupe génétique 3C.2a1b.2a.2 (2a.2). La plupart des virus récemment en circulation étaient bien reconnus par des antisérum de furet dirigés contre les virus 2a.2, tels que les virus A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs. Dans les études sérologiques chez l'homme, la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus A(H3N2) représentatifs les plus récents des groupes génétiques 2a.2 et 3C.2a1b.2a.1 n'était pas significativement réduite par rapport aux titres obtenus avec les virus vaccinaux A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire.

Tous les virus grippaux B circulants recueillis depuis le 1^{er} février 2022 appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. La plupart des virus récents appartenaient aux sous-groupes génétiques 1A.3a.1 ou 1A.3a.2 (3a.2), avec une prédominance de ce dernier. La grande majorité des virus circulants était bien reconnue par des antisérum de furet dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2) propagés en culture cellulaire et sur œufs. Dans les études sérologiques chez l'homme, la moyenne géométrique des titres d'anticorps postvaccination dirigés contre les virus représentatifs les plus récents de la lignée B/Victoria appartenant au sous-groupe génétique 3a.2 n'était pas significativement réduite par rapport aux titres obtenus avec les virus vaccinaux B/Austria/1359417/2021 propagés en culture cellulaire.

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

⁴ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

⁴ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

The WHO recommends that quadrivalent vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season contain the following:

Egg-based vaccines

- an A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus;
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus; and
- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

Cell culture- or recombinant-based vaccines

- an A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus;
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus; and
- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

The WHO recommends that trivalent vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season contain the following:

Egg-based vaccines

- an A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

Cell culture- or recombinant-based vaccines

- an A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus

L'OMS recommande que les vaccins quadrivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud contiennent les virus suivants:

Vaccins contenant des virus préparés sur œufs

- un virus de type A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/9/2021 (H3N2);
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria); et
- un virus de type B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

Vaccins contenant des virus préparés en culture cellulaire ou recombinants

- un virus de type A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/6/2021 (H3N2);
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria); et
- un virus de type B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

L'OMS recommande que les vaccins trivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2023 dans l'hémisphère Sud contiennent les virus suivants:

Vaccins contenant des virus préparés sur œufs

- un virus de type A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/9/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

Vaccins contenant des virus préparés en culture cellulaire ou recombinants

- un virus de type A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/6/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

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

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

⁵ See [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

⁵ Voir [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

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

- (i) Biotherapeutics Section, Laboratories Branch, Medical Devices and Product Quality Division, Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden, ACT, 2606, Australia (email: influenza.reagents@health.gov.au; website: <http://www.tga.gov.au>);
- (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, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (fax: +44 170 764 1050; email: enquiries@nibsc.org; website: http://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, the United States of America (email: cber-shippingrequests@fda.hhs.gov);
- (iv) Centre for Influenza and Respiratory Virus Research, National Institute of Infectious Diseases, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japan (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: +61393429329, 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 (email: 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, the United States of America (email: influenzavirus-surveillance@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, United Kingdom (Tel: +44 203 796 1520 or +44 203 796 2444, 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, China. (tel: +86 10 5890 0851, fax: +86 10 5890 0851, email: whocc-china@cnic.org.cn, website: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

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) Biotherapeutics 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>);
- (ii) Division of Virology, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medecine 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: http://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) 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: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

WHO provides fortnightly updates⁶ of global influenza activity. Other information about influenza surveillance can be found on the WHO Global Influenza Programme website.⁷

Acknowledgements

The WHO recommendation on vaccine composition is based on the year-round work of the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS). We thank the National Influenza Centres (NICs) of GISRS, and non-GISRS laboratories including the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU), who contributed information, clinical specimens, viruses and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for their in-depth characterization and comprehensive analysis of viruses; University of Cambridge for performing antigenic cartography and phylogenetic analysis; WHO Essential Regulatory Laboratories of GISRS for their complementary virus analyses and contributions from a regulatory perspective; and laboratories involved in the production of high growth/yield reassortants as candidate vaccine viruses. We also acknowledge the Global Initiative for Sharing All Influenza Data (GISAID) for the EpiFluTM 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. ■

L'OMS actualise les informations sur l'activité grippale dans le monde toutes les 2 semaines.⁶ 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.⁷

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'OMSA/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'échanger 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. ■

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

⁷ Global Influenza Programme homepage: <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

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

⁷ Global Influenza Programme homepage: <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

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

September 2022

The development of influenza candidate vaccine viruses (CVVs), coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for influenza 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 one or more 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

Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux A zoototiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

Septembre 2022

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 de grippe.

La sélection et la mise au point de virus vaccinaux candidats constituent 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 zoototiques continuent d'être identifiés et présentent une évolution à la fois génétique et antigénique, d'où

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 across a wide geographic area. These viruses have diversified genetically and antigenically, leading to the need for multiple CVVs. Detected viruses with H5 HA gene segments have been paired with a variety of neuraminidase (NA) subtypes (N1, N2, N3, N4, N5, N6, N8 or N9). This summary provides updates on the characterization of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses and the status of the development of influenza A(H5) CVVs.

Influenza A(H5) activity from 24 February through 19 September 2022

Eight human infections with A/goose/Guangdong/1/96-lineage viruses have been reported in this period. Since 2003, there have been 3 A(H5), 7 A(H5N8), 81 A(H5N6) and 865 A(H5N1) human infections reported. Since February 2022, A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses have been detected in both domestic and wild birds in many countries, with sporadic detections in wild mammals in Asia, Europe and North America (*Tableau 1*).

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 (WOAH) and academic institutions.³

la nécessité de disposer de virus vaccinaux candidats supplémentaires pour se préparer à une éventuelle 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 de sélectionner et de mettre au point de nouveaux virus vaccinaux candidats.

Le présent document fournit un récapitulatif des caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zootropiques récemment isolés, ainsi que des virus apparentés qui circulent chez l'animal¹ 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 institutions 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 épidémiques chez la volaille et des infections sporadiques chez l'humain dans une vaste zone géographique. Ces virus se sont diversifiés sur le plan génétique et antigénique, d'où la nécessité de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats. On a détecté des virus H5 présentant des segments du gène HA correspondant à divers sous-types de neuraminidase (NA) (N1, N2, N3, N4, N5, N6, N8 ou N9). 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 des virus candidats devant entrer dans la composition d'un vaccin contre la grippe A(H5).

Activité de la grippe A(H5) entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Huit infections humaines par des virus A/goose/Guangdong/1/96 n'a été notifiées durant cette période. Depuis 2003, on a recensé 3 infections humaines par des virus A(H5), 7 par des virus A(H5N8), 81 par des virus A(H5N6) et 865 par des virus A(H5N1). Depuis février 2022, des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 ont été détectés chez des oiseaux domestiques et sauvages dans de nombreux pays, et sporadiquement chez des mammifères sauvages en Amérique du Nord, en Asie et en Europe (*Tableau 1*).

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 (OMSA) et d'établissements universitaires.³

¹ For information relevant to other notifiable influenza virus infections in animals refer to <https://wahis.woah.org/#/home>

² See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

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

¹ Pour toute information relative aux autres infections grippales à notifier chez l'animal, consulter: <https://wahis.woah.org/#/home>

² Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

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

Table 1 A(H5) activity reported to international agencies since February 2022
 Tableau 1 Activité de la grippe A(H5) signalée aux agences internationales depuis février 2022

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade a (subtype) ^a – Clade génétique (sous-type) ^a
Albania – Albanie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N1)
Austria – Autriche	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H1) – Inconnu (H5N1)
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1); 2.3.2.1a (H5N1)
Belgium – Belgique	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Bulgaria – Bulgarie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H1) – Inconnu (H5N1)
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille	2.3.2.1c (H5N1); 2.3.4.4b (H5N1/8)
Canada	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages Mammals (skunk, red fox, wild fox, mink, harbour seal) – Mammifères (mouffette, vison, renard sauvage, renard roux, phoque commun)	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
China – Chine	Human (7) ^b – Humain (18) Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N6) 2.3.4.4b (H5N1) Unknown (H5N1/8) – Inconnu (H5N1/N8)
China, Hong Kong SAR – Chine, Hong Kong RAS	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
China, Taiwan – Chine, Taïwan	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N2/N5) – Inconnu (H5N2/N5) Unknown (H5N1/N2) – Inconnu (H5N1/N2)
Croatia – Croatie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Czechia – Tchéquie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1)
Denmark – Danemark	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Egypte – Égypte	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1/N8)
Estonia – Estonie	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Faeroe Islands – Îles Féroé	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Finland – Finlande	Wild birds – Oiseaux sauvages Mammal (lynx) – Mammifère (lynx)	Poultry – Volaille 2.3.4.4b (H5N1)
France	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Gabon	Poultry – Volaille	Poultry – Volaille
Germany – Allemagne	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1/N2)
Ghana	Poultry – Volaille	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Greece – Grèce	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1)
Guernsey	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Guinea – Guinée	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1)
Hungary – Hongrie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Iceland – Islande	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
India – Inde	Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1/N8)
Indonesia – Indonésie	Poultry – Volaille	2.3.2.1e (H5N1)

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade a (subtype)^a – Clade génétique (sous-type)^a
Iraq – Irak	Poultry – Volaille	Unknown (H5N8) – Inconnu (H5N8)
Ireland – Irlande	Poultry – Volaille Mammal (fox) – Mammifère (renard)	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Isle of Man – Île de Man	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Israel – Israël	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N8) – Inconnu (H5N8)
Italy – Italie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Japan – Japon	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages Mammals (fox, racoon, dog) – Mammifères (renard, raton laveur, chien)	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Jersey	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1)
Kazakhstan	Poultry – Volaille	Unknown (H5) – Inconnu (H5)
Kosovo ^c	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Latvia – Lettonie	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Lithuania – Lituanie	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1)
Luxembourg	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1)
Mali	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1)
Montenegro	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Nepal – Népal	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1a (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Netherlands – Pays-Bas	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages Mammals (fox, polecat) – Mammifères (renard, putois)	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Niger	Poultry – Volaille	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Nigeria – Nigéria	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1)
North Macedonia – Macédoine du Nord	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Norway – Norvège	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1/N8)
Philippines	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N1/N8)
Poland – Pologne	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1); 2.3.4.4b (H5N2) 2.3.4.4b (H5N1)
Portugal	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Republic of Korea – République de Corée	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Republic of Moldova – République de Moldavie	Poultry – Volaille	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Romania – Roumanie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Russian Federation – Fédération de Russie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Slovakia – Slovaquie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Slonenia – Slovénie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
South Africa – Afrique du Sud	Poultry – Volaille	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)

Table 1 (continued) – Tableau 1 (suite)

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade a (subtype) ^a – Clade génétique (sous-type) ^a
Spain – Espagne	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Svalbard and Jan Mayen islands – îles Svalbard et Jan Mayen	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
Sweden – Suède	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages Mammal (porpoise) – Mammifère (marsouin)	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
Switzerland – Suisse	Wild birds – Oiseaux sauvages	Unknown (H5N1) – Inconnu (H5N1)
United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland – Royaume-Uni de Grand-Bretagne et Irlande du Nord	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N1) 2.3.4.4b (H5N1)
United States of America – États-Unis d'Amérique	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages Humain (1) ^b – Humain (1) ^b Mammals (bobcat, bottlenose dolphin, coyote, fox, red fox, wild fox, harbour seal, skunk) – Mammifères (coyote, grand dauphin, lynx roux, mouffette, phoque commun, renard, renard roux, renard sauvage)	2.3.4.4b (H5N1/N8); 2.3.2.1c (H5N1); 2.3.4.4h (H5N6)
Viet Nam	Poultry – Volaille	

^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 Number of reported human cases. – Nombre de cas humains signalés.

c All references to Kosovo in this document should be understood to be in the context of the United Nations Security Council resolution 1244. – Toutes les références qui sont faites au Kosovo dans ce document le sont dans le contexte de la résolution 1244 du Conseil de sécurité des Nations-Unies.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H5) viruses

Since the February 2022 influenza vaccine composition meeting (VCM), 8 new infections with A/goose/Guangdong/1/96-lineage viruses have been reported. All cases were caused by clade 2.3.4.4b viruses. Seven were A(H5N6) infections identified in China and one was an A(H5N1) virus detection in the United States of America. The HA of the sequenced viruses contained 2 to 5 amino acid substitutions compared to the HA of A/Astrakhan/3212/2020, from which a 2.3.4.4b CVV has been developed. No virus was recovered from the A(H5N1) case and antigenic characterization is pending for 3 viruses isolated from the A(H5N6) cases.

A(H5) viruses circulating in birds and non-human mammals from February 2022 through September 2022 belong to the following clades:

Clade 2.3.2.1a viruses were detected in poultry in Bangladesh, India and Nepal. There were between 1 and 11 amino acid substitutions between the A/duck/Bangladesh/17D1012/2018 2.3.2.1a CVV HA and recent strains. The viruses from Bangladesh and Nepal and one virus from India formed 2 genetic groups with the other strain from India being a genetic outlier. Some tested viruses from Bangladesh were well-recognized by post-infection ferret antiserum raised against the A/duck/Bangladesh/17D1012/2018 2.3.2.1a CVV. Conversely, all tested viruses from Nepal and half the tested viruses from Bangladesh were not as well recognized by the antiserum raised against this CVV.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5)

Depuis la réunion sur la composition des vaccins antigrippaux qui s'est tenue en février 2022, 8 nouvelles infections par des virus A/goose/Guangdong/1/96, tous appartenant au clade 2.3.4.4b, ont été signalées. Sept étaient des cas de grippe A(H5N6) identifiés en Chine et une était un cas de grippe A(H5N1) détecté aux États-Unis d'Amérique. Les HA des virus séquencés contenaient 2 à 5 substitutions d'acides aminés par rapport à l'HA de la souche A/Astrakhan/3212/2020, utilisée pour développer un virus vaccinal candidat du clade 2.3.4.4b. Aucun virus n'a été isolé chez le cas de grippe A(H5N1) et la caractérisation antigénique de 3 virus isolés chez des cas de grippe A(H5N6) est en cours.

Les virus A(H5) qui ont circulé chez les oiseaux et les mammifères non humains entre février et septembre 2022 appartenaient aux clades suivants:

Clade 2.3.2.1a: Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles au Bangladesh, en Inde et au Népal. On a dénombré entre 1 et 11 substitutions d'acides aminés au niveau de l'hémagglutinine des souches récentes par rapport à celle du virus vaccinal candidat A/duck/Bangladesh/17D1012/2018 du clade 2.3.2.1a. Les virus du Bangladesh et du Népal et un virus de l'Inde formaient 2 groupes génétiques, tandis que l'autre souche de l'Inde était génétiquement à part. Un antisérum de furet postinfection dirigé contre le virus vaccinal candidat A/duck/Bangladesh/17D1012/2018 du clade 2.3.2.1a, a bien reconnu certains virus testés issus du Bangladesh, mais a moins bien réagi avec l'ensemble des virus testés provenant du Népal et la moitié des virus testés détectés au Bangladesh.

Clade 2.3.2.1c viruses were detected in birds in Cambodia and Viet Nam. The HAs of these viruses had accumulated up to 9 amino acid substitutions relative to the A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012 2.3.2.1c CVV. Despite the emergence of multiple genetic subgroups, approximately half of the tested viruses from Viet Nam were well-recognized by ferret antisera raised against this CVV. These viruses will continue to be monitored for antigenic drift.

A *clade 2.3.2.1e* virus was detected in Indonesia. The virus had accumulated many amino acid substitutions when compared with the sequences of 2.3.2.1e viruses available in public sequence databases. No antigenic data were available.

Clade 2.3.4.4b viruses were detected in birds in many countries in Africa, Asia, Europe and North America. Additionally, viruses were detected in non-human mammals in some countries in Asia, Europe and North America. Viruses from Canada and the United States of America had HAs that were genetically similar to the A/Astrakhan/3212/2020 CVV (*Figure 1*). However, geographical clustering of phylogenetic groups has become increasingly pronounced and viruses from some countries in eastern Europe and West Africa, Cambodia and Viet Nam were less well recognized by an antiserum raised against the A/Astrakhan/3212/2020 2.3.4.4b CVV. The viruses from eastern Europe and West Africa were well recognized by post-infection ferret antisera raised against recent viruses circulating in poultry in West Africa (*Table 2*).

Clade 2.3.4.4h viruses were detected in Viet Nam. The viruses had accumulated up to 10 HA amino acid substitutions compared to the A/Guangdong/18SF020/2018 CVV, but most of the viruses tested were antigenically similar to this CVV.

Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on current antigenic, genetic and epidemiologic data, a new clade 2.3.4.4b CVV that is antigenically like recently circulating viruses from West Africa is proposed. The available and pending A(H5) CVVs are listed in *Table 3*.

Influenza A(H3N8)

A(H3) viruses are present in birds in many regions of the world and detections of A(H3N8) viruses in live poultry markets in Asia have been reported. A(H3N8) virus infections have been detected in dogs, horses, pigs, donkeys and seals.

Influenza A(H3N8) activity from 24 February through 19 September 2022

The first 2 cases of human infections with A(H3N8) viruses, both associated with poultry exposure, were reported from China. Both infections were in children, one of which resulted in severe disease.

Clade 2.3.2.1c: Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux au Cambodge et au Viet Nam. Les HA de ces virus avaient accumulé jusqu'à 9 substitutions d'acides aminés par rapport au virus vaccinal candidat A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012 du clade 2.3.2.1c. Malgré l'émergence de multiples sous-groupes génétiques, environ la moitié des virus testés issus du Viet Nam a été bien reconnue par des antisérum de furet dirigés contre ce virus vaccinal candidat. La surveillance de la dérive antigénique de ces virus se poursuit.

Clade 2.3.2.1e: Un virus de ce clade a été détecté en Indonésie. Il avait accumulé de nombreuses substitutions d'acides aminés par rapport aux séquences des virus du clade 2.3.2.1e disponibles dans les bases de données publiques de séquences. Aucune donnée antigénique n'était disponible.

Clade 2.3.4.4b: Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux dans de nombreux pays d'Afrique, d'Amérique du Nord, d'Asie et d'Europe. Ces virus ont également été détectés chez des mammifères non humains dans certains pays d'Amérique du Nord, d'Asie et d'Europe. Les virus issus du Canada et des États-Unis d'Amérique présentaient des HA génétiquement semblables à celle du virus vaccinal candidat A/Astrakhan/3212/2020 (*Figure 1*). Toutefois, le regroupement géographique des groupes phylogénétiques est de plus en plus prononcé et les virus de certains pays d'Afrique de l'Ouest et d'Europe de l'Est, du Cambodge et du Viet Nam ont été moins bien reconnus par un antiserum dirigé contre le virus vaccinal candidat A/Astrakhan/3212/2020 du clade 2.3.4.4b. Des antisérum de furet postinfection dirigés contre des virus récents circulant chez les volailles en Afrique de l'Ouest ont bien reconnu les virus d'Afrique de l'Ouest et d'Europe de l'Est (*Tableau 2*).

Clade 2.3.4.4h: Des virus de ce clade ont été détectés au Viet Nam. Ils avaient accumulé jusqu'à 10 substitutions d'acides aminés au niveau de l'hémagglutinine par rapport au virus vaccinal candidat A/Guangdong/18SF020/2018, mais la plupart de ceux qui ont été testés étaient antigeniquement semblables à ce dernier.

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

Au vu des données antigeniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, un nouveau virus vaccinal candidat du clade 2.3.4.4b, antigeniquement analogue aux virus récemment en circulation en Afrique de l'Ouest, est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles et en attente sont répertoriés dans le *Tableau 3*.

Grippe A(H3N8)

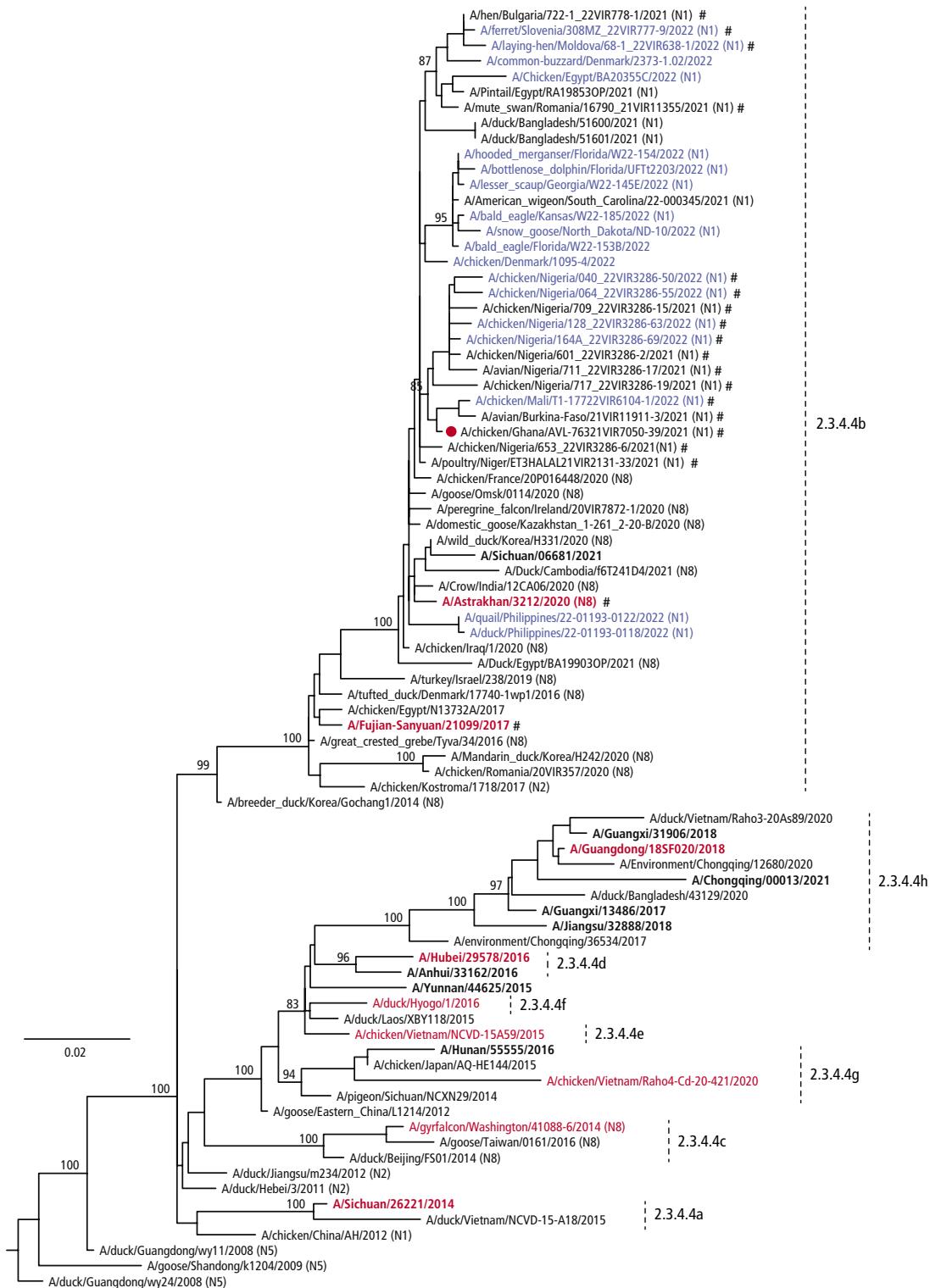
Les virus A(H3) sont présents chez les oiseaux dans de nombreuses régions du monde et des virus A(H3N8) ont été signalés dans des marchés de volailles vivantes en Asie. Des infections par des virus A(H3N8) ont été détectées chez des chiens, des chevaux, des porcs, des ânes et des phoques.

Activité de la grippe A(H3N8) entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Les 2 premiers cas d'infection humaine par des virus A(H3N8), tous deux associés à une exposition à des volailles, ont été notifiés en Chine. Ces infections ont été détectées chez des enfants; l'une d'entre elles a entraîné une maladie sévère.

Figure 1 Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.4.4 haemagglutinin genes

Figure 1 Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4.4



The available candidate vaccine viruses appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (●); all human viruses are in bold font. Viruses collected in year 2022 are in blue. The virus tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). NA subtypes other than N6 are specified. The tree was built from the nucleotide sequences coding for the mature HA1 protein. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●); tous les virus humains sont indiqués en caractères gras. Les virus collectés au cours de l'année 2022 sont indiqués en bleu. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). Les virus de sous-type de NA autres que N6 sont spécifiés. L'arbre a été constitué à partir des séquences nucléotidiques codant pour la protéine mature HA1. 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 2 **Haemagglutination inhibition assay of clade 2.3.4.4b A(H5) viruses**Tableau 2 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus A(H5) du clade 2.3.4.4b**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	Subtype	CNIC-21099	IDCDC-RG71A	poultry/ Niger	ck/ Ghana	hen/ Bulgaria
CNIC-FJ21099 (A/Fujian-Sanyuan/21099/2017)	2.3.4.4b	H5N6	40	160	1280	1280	640
IDCDC-RG71A (A/Astrakhan/3212/2020-like)	2.3.4.4b	H5N8	80	160	1280	640	640
A/poultry/Niger/ET3HALAL21VIR2131-33/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	40	640	320	160
A/chicken/Ghana/AVL-76321VIR7050-39/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	20	640	320	80
A/hen/Bulgaria/722-1_22VIR778-1/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	40	2560	640	640
Test antigens – Antigènes d'épreuve							
A/laying-hen/Moldova/68-1_22VIR638-1/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	40	640	320	320
A/ferret/Slovenia/308MZ_22VIR777-9/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	10	1280	640	640
A/mute swan/Romania/16790_21VIR11355/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	10	1280	320	320
A/avian/Burkina Faso/21VIR11911-3/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	20	320	640	80
A/chicken/Mali/T1-17722VIR6104-1/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	20	320	640	80
A/avian/Nigeria/711_22VIR3286-17/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	320	40
A/chicken/Nigeria/040_22VIR3286-50/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	320	40
A/chicken/Nigeria/128_22VIR3286-63/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	640	80
A/chicken/Nigeria/717_22VIR3286-19/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	320	40
A/chicken/Nigeria/164A_22VIR3286-69/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	320	40
A/chicken/Nigeria/653_22VIR3286-6/2021	2.3.4.4b	H5N1	20	40	1280	320	320
A/chicken/Nigeria/064_22VIR3286-55/2022	2.3.4.4b	H5N1	10	80	640	320	40
A/chicken/Nigeria/709_22VIR3286-15/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	40	320	320	40
A/chicken/Nigeria/601_22VIR3286-2/2021	2.3.4.4b	H5N1	10	80	640	320	80

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

a Haemagglutination inhibition assay was conducted using turkey red blood cells. – L'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination a été pratiquée avec des érythrocytes de dinde.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H3N8) viruses

Genetic analyses of the A(H3N8) viruses from the human cases confirmed they were of avian origin with Eurasian and Pacific Flyway lineage HA and NA genes, respectively. The remaining gene segments were most similar to A(H9N2) viruses. Related viruses were detected in samples from live bird markets in China.

Transmission studies with an A(H3N8) poultry virus in ferrets demonstrated both direct contact and airborne transmission. This, together with detection of molecular changes associated with mammalian adaptation in the HA and PB2 genes of the virus detected in the case with severe disease, warrants close monitoring for avian origin reassortant A(H3N8) viruses (Figure 2).

Influenza A(H3N8) candidate vaccine viruses

Based on current serologic, genetic and epidemiologic data, a new A/Henan/4-10CNIC/2022 CVV is

Caractéristiques antigeniques et génétiques des virus grippaux A(H3N8)

Les analyses génétiques des virus A(H3N8) isolés chez ces cas humains ont confirmé l'origine aviaire de ces virus qui portaient les gènes HA et NA de la lignée eurasienne et de la lignée de la voie de migration du Pacifique, respectivement. Les autres segments géniques étaient très semblables à ceux des virus A(H9N2). Des virus apparentés ont été détectés dans des échantillons prélevés dans des marchés d'oiseaux vivants en Chine.

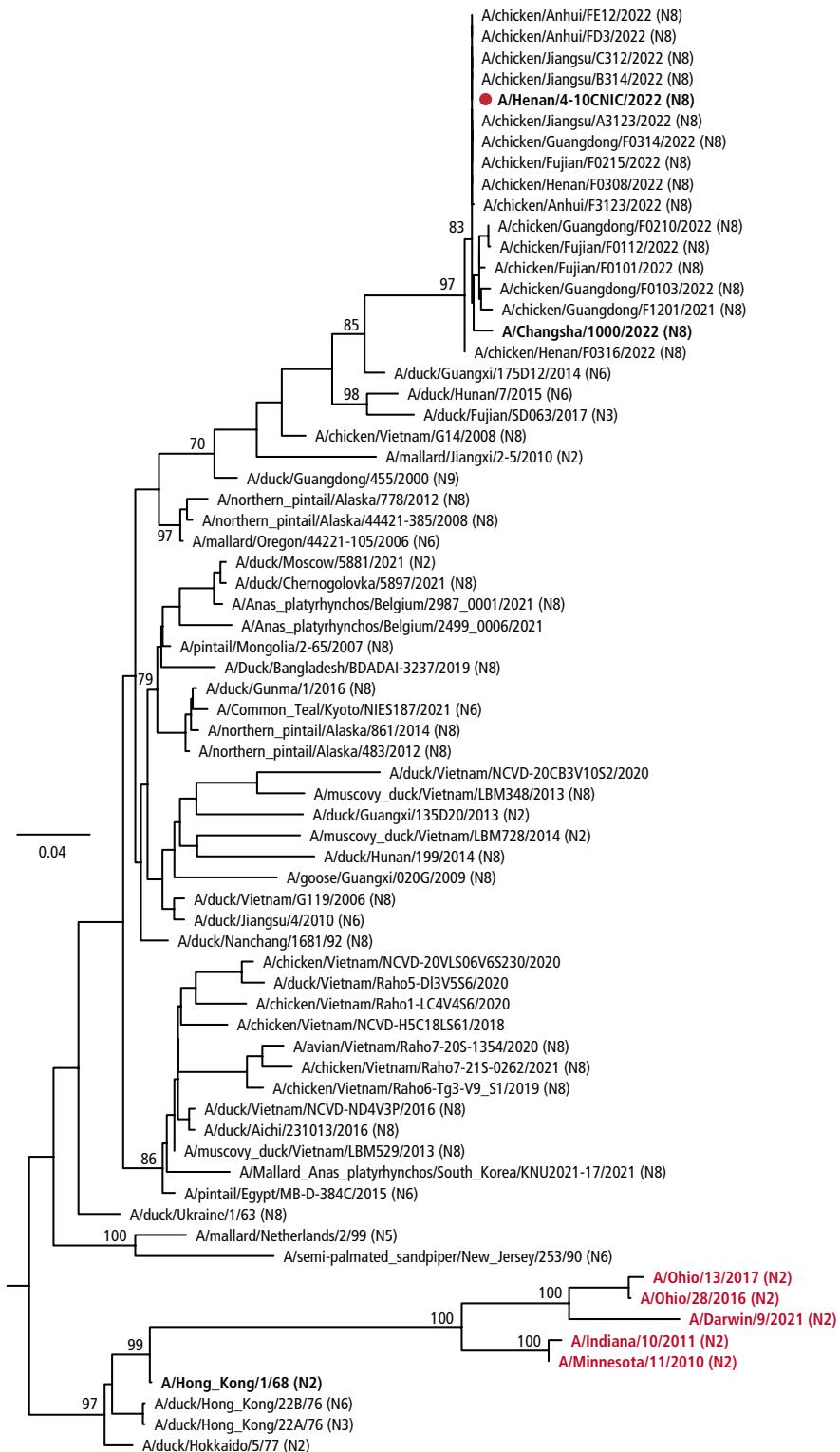
Des études de transmission réalisées avec un virus de la volaille A(H3N8) chez des furets ont mis en évidence une transmission à la fois par contact direct et par voie aérienne. Ces modes de transmission, combinés aux changements moléculaires associés à l'adaptation des mammifères au niveau des gènes HA et PB2 du virus identifié chez le cas de maladie sévère, justifient une surveillance étroite des virus A(H3N8) réassortis d'origine aviaire (Figure 2).

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H3N8)

Au vu des données sérologiques, génétiques et épidémiologiques actuelles, un nouveau virus vaccinal candidat A/Henan/4-

Figure 2 Phylogenetic relationships of A(H3) haemagglutinin genes

Figure 2 Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H3)



The available candidate vaccine viruses appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (●); all human viruses are in bold font. The virus tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). NA subtypes are specified into parentheses if known. The tree was built from the nucleotide sequences coding for the mature HA1 protein. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●); tous 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 (#). S'ils sont connus, les virus de sous-type de NA sont spécifiés entre parenthèses. L'arbre a été constitué à partir des séquences nucléotidiques codant pour la protéine mature HA1. 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 **Status of influenza A(H5) candidate vaccine virus development^a**Tableau 3 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)^a**

Candidate vaccine viruses^b – Virus vaccinaux candidats^b	Clade	Institution^c	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 (MHRA)	Yes – Oui
NIBRG-88 (A/Cambodia/R0405050/2007)	1.1	NIBSC (MHRA)	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 (MHRA)	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 (MHRA)	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 (MHRA)	Yes – Oui
SJ009 (A/chicken/Guiyang/1153/2016)	2.3.2.1d	SJCRH/HKU	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-RG71A (A/Astrakhan/3212/2020) (H5N8)	2.3.4.4b	CDC	Yes – Oui
CBER-RG8A (A/Astrakhan/3212/2020) (H5N8)	2.3.4.4b	FDA	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/Vietnam/NCVD-016/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG25A (A/chicken/Vietnam/NCVD-03/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG65A (A/Guangdong/18SF020/2018) (H5N6)	2.3.4.4h	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Institution	Available – Disponible
IDCDC-RG63A (A/duck/Bangladesh/17D1012/2018-like)	2.3.2.1a	CDC	Pending – En attente

Table 3 (continued) – Tableau 3 (suite)

Candidate vaccine viruses ^b – Virus vaccinaux candidats ^b	Clade	Institution ^c	Available – Disponible
IDCDC-RG75A (A/chicken/Ghana/20/2015-like)	2.3.2.1f	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015-like (H5N6)	2.3.4.4f	SJCRH	Pending – En attente
A/Guangdong/18SF020/2018-like (H5N6)	2.3.4.4h	CCDC	Pending – En attente
CNIC-HB29578 (A/Hubei/29578/2016-like) (H5N6)	2.3.4.4d	CCDC	Pending – En attente
CNIC-FJ21099 (A/Fujian-Sanyuan/21099/2017-like) (H5N6)	2.3.4.4b	CCDC	Pending – En attente
IDCDC-RG69A (A/ck/Vietnam/RAHO4-CD-20-421/2020-like) (H5N6)	2.3.4.4g	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Ghana/AVL-76321VIR7050-39/2021-like	2.3.4.4b	To be determined – À déterminer	Pending – En attente

^a All listed candidate vaccine viruses have been produced using reverse genetics. – Tous les virus vaccinaux candidats recensés ont été produits au moyen de la génétique inverse.

^b Where not indicated, the virus subtype is H5N1. – Lorsque le sous-type de virus n'est pas indiqué, il s'agit du sous-type H5N1.

^c 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

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

proposed. The pending A(H3N8) CVV is listed in Table 4.

10CNIC/2022 est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N8) en attente sont répertoriés dans le Tableau 4.

Influenza A(H7)

Human infections with HPAI A(H7) viruses of the A/Anhui/1/2013 HA lineage were first reported to WHO on 31 March 2013. Viruses from other A(H7) lineages have also caused zoonotic infections. This summary provides updates on the characterization of A(H7) viruses and the status of the development of corresponding CVVs.

Grippe A(H7)

Les premiers cas d'infection humaine par des virus grippaux aviaires A(H7) hautement pathogènes de la lignée A/Anhui/1/2013 ont été notifiés à l'OMS le 31 mars 2013. D'autres lignées de virus A(H7) ont également été à l'origine d'infections zootoniques. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation de ces virus A(H7) et sur l'état d'avancement de la mise au point des virus vaccinaux candidats correspondants.

Influenza A(H7) activity from 24 February through 19 September 2022

No human infections with A(H7), including A/Anhui/1/2013-lineage A(H7N9) viruses, have been detected in this reporting period. In addition, no A/Anhui/1/2013-lineage A(H7N9) infections in birds were reported in this period.

Activité de la grippe A(H7) entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Aucune infection humaine par des virus A(H7), y compris par des virus A(H7N9) de la lignée A/Anhui/1/2013, n'a été détectée durant cette période. Aucune infection par des virus de cette lignée n'a été signalée chez les oiseaux non plus au cours de cette période.

Influenza A(H7) candidate vaccine viruses

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

Based on the current epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available and pending CVVs for A(H7) viruses including A(H7N9) are listed in Table 5.

Au vu des données épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats disponibles et en attente pour la grippe A(H7), y compris A(H7N9), sont répertoriés dans le Tableau 5.

Table 4 Status of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus development

Tableau 4 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Type	Institution ^a	Available – Disponible
A/Henan/4-10CNIC/2022	Eurasian	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC/CCDC	Pending – En attente

^a Institutions 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

Table 5 Status of influenza A(H7) candidate vaccine virus development

Tableau 5 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7)

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Lineage (subtype) – Lignée (sous-type)	Type	Institutiona	Available – Disponible
IDCDC-RG33A (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-268 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
NIIDRG-10.1 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
SJ005 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-267 (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
CBER-RG4A (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
IDCDC-RG32A (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG32A.3 (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56B (A/Hong Kong/125/2017)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56N (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-375 (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
CBER-RG7C (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
CBER-RG7D (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
IDCDC-RG64A (A/Gansu/23277/2019-like)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IBCDC-5 (A/turkey/Virginia/4529/2002)	American (H7N2)	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
SJRG-161984-B (A/Canada/rv444/2004)	American (H7N3)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-109 (A/New York/107/2003)	American (H7N2)	Conventional – Classique	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
IBCDC-1 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N7)	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
NIBRG-60 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N3)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
NIBRG-63 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N1)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Lineage (subtype) – Lignée (sous-type)	Type	Institution*	Available – Disponible
A/chicken/Jiangsu/1/2018-like	Eurasian (H7N4)	Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC	Pending – En attente
A/Hunan/02650/2016-like	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	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

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

Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry in parts of Africa, Asia and the Middle East with the majority of viruses belonging to either the A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) or A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) lineage. Since the late 1990s, when the first human infection was identified, sporadic detections of A(H9N2) viruses in humans and pigs have been reported, with associated mild disease in most human cases and no evidence for human-to-human transmission.

Grippe A(H9N2)

Des virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques parmi les populations de volailles de certaines parties de l'Afrique, de l'Asie et du Moyen-Orient, la majorité d'entre eux appartenant à la lignée 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 sporadiques de virus A(H9N2) ont été signalées dans des échantillons humains et porcins. Dans la majorité des cas humains, les symptômes de la maladie associée étaient bénins et aucun signe de transmission interhumaine n'a été relevé.

Influenza A(H9N2) activity from 24 February through 19 September 2022

Since the February 2022 VCM, 6 A(H9N2) human infections have been identified, 5 in China and one in Cambodia.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H9N2) viruses

The 3 human viruses, 2 from China and one from Cambodia, from which sequence data were generated belonged to the Y280/G9 lineage. No antigenic data were available for these viruses.

The Y280/G9 lineage A(H9N2) viruses continued to predominate in birds in China and similar viruses were detected in birds in Cambodia and Viet Nam. Viruses from this lineage were genetically diverse but post-infection ferret antisera raised against the A/Anhui-Lujiang/39/2018 CVV reacted well with most of the viruses that were antigenically characterized.

G1 lineage A(H9N2) viruses were detected in birds in Bangladesh and Egypt. Ferret antisera raised against the A/Bangladesh/994/2011 and A/Oman/2747/2019 CVVs reacted well with most of the viruses that were antigenically characterized.

Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available and pending A(H9N2) CVVs are listed in *Table 6*.

Influenza A(H10)

A(H10) viruses are frequently detected in birds in many regions of the world. Prior to this reporting period,

Activité de la grippe A(H9N2) entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Depuis la réunion sur la composition des vaccins antigrippaux de février 2022, 6 infections humaines par des virus A(H9N2) ont été identifiées, dont 5 en Chine et 1 au Cambodge.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H9N2)

Les 3 virus humains (2 de Chine et 1 du Cambodge) qui ont été séquencés appartenaient à la lignée Y280/G9. On ne dispose d'aucune donnée antigénique pour ces virus.

Les virus A(H9N2) de la lignée Y280/G9 continuent de prédominer chez les oiseaux en Chine et des virus similaires ont été détectés chez des oiseaux au Cambodge et au Viet Nam. Les virus de cette lignée présentaient une diversité génétique, mais des antisérum de furet postinfection dirigés contre le virus vaccinal candidat A/Anhui-Lujiang/39/2018 ont bien réagi avec la plupart des virus caractérisés sur le plan antigénique.

Des virus A(H9N2) de la lignée G1 ont été détectés chez des oiseaux au Bangladesh et en Égypte. Des antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux candidats A/Bangladesh/994/2011 et A/Oman/2747/2019 ont bien réagi avec la plupart des virus caractérisés sur le plan antigénique.

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

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles et en attente sont répertoriés dans le *Tableau 6*.

Grippe A(H10)

Les virus A(H10) sont fréquemment détectés chez les oiseaux dans de nombreuses régions du monde. Avant la période couverte

Table 6 Status of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus development

Tableau 6 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Type	Institution ^a	Available – Disponible
A/Hong Kong/1073/99	G1	Wild type – Type sauvage	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
NIBRG-91 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Yes – Oui
IBCDC-2 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Y280/G9	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG26 (A/Hong Kong/33982/2009)	G1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG31 (A/Bangladesh/994/2011)	G1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
SJ008 (A/Hong Kong/308/2014)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
IDCDC-RG61A (A/Anhui-Lujiang/39/2018)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC/CCDC	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Clade	Institution	Available – Disponible
IDCDC-RG66A (A/Oman/2747/2019-like)	G1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Anhui-Lujiang/39/2018-like	Y280/G9	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente

^a Institutions 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

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

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

A(H10N8), A(H10N7) and A(H10N3) human infections have been reported.

Influenza A(H10) activity from 24 February through 19 September 2022

A single case of A(H10N3) human infection was identified in China. The illness was severe, but the patient recovered.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H10) viruses

The HA and NA of the human virus were genetically similar to viruses recently detected in China including the human A(H10N3) virus from 2021. The remaining gene segments of the virus were most similar to A(H9N2) viruses detected in chickens in the region. No antigenic data were available.

Influenza A(H10) candidate vaccine viruses

Based on the available epidemiologic data, no CVVs are proposed.

Influenza A(H1)v⁴

Influenza A(H1) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. The genetic and antigenic characteristics of the viruses circulating in different regions are diverse. Human infections with swine influenza A(H1) viruses (designated as A(H1) variant [A(H1)v] viruses) have been, and continue to be, documented in the Americas, Asia and Europe.

Influenza A(H1)v activity from 24 February through 19 September 2022

Single A(H1N1)v virus infections in humans were identified in China (clade 1C.2.3) and Germany (clade 1C.2.2). Five human cases of A(H1N2)v virus infection were reported by the United States of America: the detected viruses belonged to clades 1B.2.1 (3), 1A.1.1 (1) and 1A.3.3.2 (1).

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H1)v viruses

The A(H1N1)v virus from China had 14 HA amino acid substitutions relative to the A/Hunan/42443/2015 CVV. Antigenic characterization is underway. The HA of the virus from Germany, A/Nordrhein-Westfalen/8/2022, had 15 amino acid substitutions compared to the clade 1C.2.2 recommended A/Hessen/47/2020 CVV. Haemagglutination inhibition analysis showed post-infection ferret antiserum raised against A/Hessen/47/2020 reacted poorly with A/Nordrhein-Westfalen/8/2022. The 1B.2.1 viruses were genetically related to influenza viruses detected in pigs sampled at agricultural fairs in the United States of America and had 9 or 10 HA amino acid substitutions relative to the A/Michigan/383/2018 CVV. These viruses were well inhibited by ferret antisera raised against this CVV. The 1A.1.1 and 1A.3.3.2 viruses were genetically related to

par le présent rapport, des infections humaines par des virus A(H10N8), A(H10N7) et A(H10N3) avaient été signalées.

Activité de la grippe A(H10) entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Un cas humain de grippe A(H10N3) a été identifié en Chine. Le patient a été gravement malade, mais il s'est rétabli.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H10)

L'hémagglutinine et la neuraminidase du virus humain étaient génétiquement semblables à celles des virus récemment détectés en Chine, y compris du virus humain A(H10N3) de 2021. Les autres segments génétiques du virus étaient très similaires à ceux des virus A(H9N2) détectés chez des poulets dans la région. Aucune donnée antigénique n'était disponible.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H10)

Au vu des données épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé.

Grippe A(H1)v⁴

Des virus grippaux A(H1) sont enzootiques dans les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques des virus circulant dans les différentes régions sont diverses. Des cas d'infection humaine par des virus grippaux porcins A(H1) (dénommés A(H1)variant, ou A(H1)v) ont été observés dans le passé, et continuent d'être détectés aujourd'hui dans les Amériques, en Asie et en Europe.

Activité de la grippe A(H1)v entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Une infection humaine par un virus A(H1N1)v a été identifiée en Allemagne (clade 1C.2.2) et une autre Chine (clade 1C.2.3). Cinq cas humains d'infection par des virus A(H1N2)v ont été notifiés par les États-Unis d'Amérique; ces virus appartenaient aux clades 1B.2.1 (3), 1A.1.1 (1) et 1A.3.3.2 (1).

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H1)v

Le virus A(H1N1)v de Chine présentait 14 substitutions d'acides aminés au niveau de l'hémagglutinine par rapport au virus vaccinal candidat A/Hunan/42443/2015. Sa caractérisation antigénique est en cours. L'hémagglutinine du virus A/Nordrhein-Westfalen/8/2022 détecté en Allemagne présentait 15 substitutions d'acides aminés par rapport au virus vaccinal candidat recommandé A/Hessen/47/2020 du clade 1C.2.2. Les épreuves d'inhibition de l'hémagglutination ont montré que l'antisérum de furet postinfection dirigé contre le virus A/Hessen/47/2020 avait médiocrement réagi avec le virus A/Nordrhein-Westfalen/8/2022. Les virus 1B.2.1 étaient génétiquement apparentés aux virus grippaux détectés dans des échantillons prélevés chez des porcs lors de foires agricoles aux États-Unis d'Amérique et présentaient 9 ou 10 substitutions d'acides aminés au niveau de l'hémagglutinine par rapport au virus vaccinal candidat A/Michigan/383/2018. Des antisérum de furet dirigés contre ce

⁴ See https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/global-influenza-surveillance-and-response-system/nomenclature/standardization_of_terminology_influenza_virus_variants_update.pdf

⁴ Voir https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/global-influenza-surveillance-and-response-system/nomenclature/standardization_of_terminology_influenza_virus_variants_update.pdf

viruses detected in pig populations in the United States of America and are awaiting antigenic characterization.

Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available and pending A(H1)v CVVs are listed in *Table 7*.

Influenza A(H3N2)v

Influenza A(H3N2) viruses are enzootic in pig populations in most regions of the world. The genetic and antigenic characteristics of the viruses circulating in different regions are diverse. Human infections with influenza A(H3N2)v viruses, originating from pigs, have been documented in Asia, Australia, Europe and North America.

Influenza A(H3N2)v activity from 24 February through 19 September 2022

Three human cases of A(H3N2)v virus infection were reported by the United States of America. These viruses belonged to clade 3.2010.1. The majority of A(H3N2)v infections have been detected in the United States of America where a total of 444 cases have been reported since 2005, when human infections with a novel influenza A virus became nationally notifiable.

virus vaccinal candidat ont bien inhibé ces virus. Les virus 1A.1.1 et 1A.3.3.2 étaient génétiquement apparentés à des virus détectés dans des populations porcines aux États-Unis d'Amérique et sont en attente de caractérisation antigénique.

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

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H1)v disponibles et en attente sont répertoriés dans le *Tableau 7*.

Grippe A(H3N2)v

Des virus grippaux A(H3N2)v sont enzootiques dans les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques des virus circulant dans les différentes régions sont diverses. Des infections humaines par des virus grippaux A(H3N2)v d'origine porcine ont été constatées en Amérique du Nord, en Asie, en Australie et en Europe.

Activité de la grippe A(H3N2)v entre le 24 février et le 19 septembre 2022

Trois cas humain d'infection par des virus A(H3N2)v ont été signalés aux États-Unis d'Amérique; tous appartenaient au clade 3.2010.1. La majorité des infections par des virus A(H3N2)v a été détectée aux États-Unis d'Amérique, où 444 cas au total ont été notifiés depuis 2005, date à laquelle la notification des infections humaines par de nouveaux virus grippaux A est devenue obligatoire au niveau national.

Table 7 **Status of influenza A(H1)v candidate vaccine virus development**

Tableau 7 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H1)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Lineage – Lignée	Type	Institution ^a	Available – Disponible
CNIC-1601 (A/Hunan/42443/2015) (H1N1)v	1C.2.3	Conventional – Classique	CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG48A (A/Ohio/9/2015) (H1N1)v	1A.3.3.3	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG58A (A/Michigan/383/2018) (H1N2)v	1B.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG59 (A/Ohio/24/2017) (H1N2)v	1A.1.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation		Type	Institution ^a	Available – Disponible
A/Iowa/32/2016-like (H1N2)v	1B.2.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Netherlands/3315/2016-like (H1N1)v	1C.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
A/Ohio/35/2017-like (H1N2)v	1B.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
A/Hessen/47/2020-like (H1N1)v	1C.2.2	Conventional – Classique	NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
A/Netherlands/10370-1b/2020 (H1N1)v	1C.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
A/Bretagne/24241/2021 (H1N2)v	1C.2.4	Conventional / Reverse genetics – Classique / Génétique inverse	SJCRH/NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
A/Wisconsin/03/2021 (H1N1)v	1A.3.3.3	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/California/71/2021 (H1N2)v	1A.1.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente

^a Institutions 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

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H3N2)v viruses

The human viruses were genetically similar to clade 3.2010.1 A(H3N2) swine influenza viruses detected in the United States of America in 2022 and were antigenically similar to the recommended A/Ohio/13/2017-like CVV.

Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available A(H3N2)v CVVs are listed in *Table 8*.

Acknowledgements

We acknowledge the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) which provides the mechanism for detection and monitoring of 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 characterization and analysis of viruses and preparation of CVVs; and WHO Essential Regulatory Labora-

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H3N2)

Les virus humains étaient génétiquement semblables aux virus grippaux porcins A(H3N2) du clade 3.2010.1 détectés aux États-Unis d'Amérique en 2022 et étaient antigeniquement similaires au virus vaccinal candidat de type A/Ohio/13/2017 recommandé.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H3N2)

Au vu des données antigeniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N2)v disponibles et en attente sont répertoriés dans le *Tableau 8*.

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. Nous remercions également: les centres nationaux de la grippe du GISRS, qui ont fourni des informations, des échantillons cliniques, des virus et d'autres données connexes; les centres collaborateurs de l'OMS participant au GISRS pour leur caractérisation et leur analyse détaillée des virus et la préparation des virus vaccinaux candidats; et les laboratoires essen-

Table 8 Status of influenza A(H3N2)v candidate vaccine virus development

Tableau 8 État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H3N2)v

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Lineage – Lignée	Type	Institution ^a	Available – Disponible
A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203)	3.1990.4.A	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
A/Indiana/10/2011 (NYMC X-213)	3.1990.4.A	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG55C (A/Ohio/28/2016-like)	3.2010.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation		Type	Institution ^a	Available – Disponible
A/Ohio/28/2016-like	3.2010.1	Conventional – Classique	NIBSC (MHRA)	Pending – En attente
IDCDC-RG60A (A/Ohio/13/2017-like)	3.2010.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente

^a 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

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

tories of GISRS and WHO H5 Reference Laboratories for their complementary analyses and preparation of CVVs. We thank the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU) laboratories for their in-depth characterization 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 EpiFluTM database, and other sequence databases which were used to share gene sequences and associated information. ■

tiels de réglementation du GISRS et les laboratoires de référence H5 de l'OMS pour leurs travaux complémentaires d'analyse et de préparation des virus vaccinaux candidats. Nous sommes reconnaissants aux laboratoires du Réseau d'experts sur la grippe animale (OFFLU) de l'OMSA/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 EpiFluTM et d'autres banques de données qui ont permis le partage des séquences génétiques et d'autres informations associées. ■

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

Adolescent health	https://www.who.int/health-topics/adolescent-health#tab=tab_1	Santé des adolescents
Avian influenza	https://www.who.int/health-topics/influenza-avian-and-other-zoonotic#tab=tab_1	Grippe aviaire
Buruli ulcer	https://www.who.int/health-topics/buruli-ulcer#tab=tab_1	Ulcère de Buruli
Child health	https://www.who.int/health-topics/child-health#tab=tab_1	Santé des enfants
Cholera	https://www.who.int/health-topics/cholera#tab=tab_1	Choléra
COVID-19	https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab_1	Maladie à coronavirus 2019 (COVID-19)
Dengue	https://www.who.int/health-topics/dengue-and-severe-dengue#tab=tab_1	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	Situations d'urgence sanitaire
Emergencies dashboard	https://extranet.who.int/publicemergency	Tableau de bord des urgences sanitaires
Foodborne diseases	https://www.who.int/health-topics/foodborne-diseases#tab=tab_1	Maladies d'origine alimentaire
Global Health Observatory (GHO) data	https://www.who.int/data/gho	Données de l'Observatoire de la santé mondiale
Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)	https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system	Système mondial de surveillance et d'intervention
Global Outbreak Alert and Response Network (GOARN)	https://extranet.who.int/goarn/	Réseau mondial d'alerte et d'action en cas d'épidémie (GOARN)
Health topics	https://www.who.int/health-topics/	La santé de A à Z
Human African trypanosomiasis	https://www.who.int/health-topics/human-african-trypanosomiasis#tab=tab_1	Trypanosomiase humaine africaine
Immunization, Vaccines and Biologicals	https://www.who.int/health-topics/vaccines-and-immunization#tab=tab_1	Vaccination, Vaccins et Biologiques
Influenza	https://www.who.int/health-topics/influenza-seasonal#tab=tab_1	Grippe
International Health Regulations	https://www.who.int/health-topics/international-health-regulations#tab=tab_1	Règlement sanitaire international
International travel and health	https://www.who.int/health-topics/travel-and-health#tab=tab_1	Voyages internationaux et santé
Leishmaniasis	https://www.who.int/health-topics/leishmaniasis#tab=tab_1	Leishmaniose
Leprosy	https://www.who.int/health-topics/leprosy#tab=tab_1	Lèpre
Lymphatic filariasis	https://www.who.int/health-topics/lymphatic-filariasis#tab=tab_1	Filiariose lymphatique
Malaria	https://www.who.int/health-topics/malaria#tab=tab_1	Paludisme
Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)	https://www.who.int/health-topics/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers#tab=tab_1	Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV)
Neglected tropical diseases	https://www.who.int/health-topics/neglected-tropical-diseases#tab=tab_1	Maladies tropicales négligées
Onchocerciasis	https://www.who.int/health-topics/onchocerciasis#tab=tab_1	Onchocercose
OpenWHO	https://openwho.org/	OpenWHO
Outbreak news	https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news	Flambées d'épidémies
Poliomyelitis	https://www.who.int/health-topics/poliomyelitis#tab=tab_1	Poliomyélite
Rabies	https://www.who.int/health-topics/rabies#tab=tab_1	Rage
Schistosomiasis	https://www.who.int/health-topics/schistosomiasis#tab=tab_1	Schistosomiase
Smallpox	https://www.who.int/health-topics/smallpox#tab=tab_1	Variole
Soil-transmitted helminthiases	https://www.who.int/health-topics/soil-transmitted-helminthiases#tab=tab_1	Géohelminthiases
Trachoma	https://www.who.int/health-topics/trachoma#tab=tab_1	Trachome
Tropical disease research	https://tdr.who.int/	Recherche sur les maladies tropicales
Tuberculosis	https://www.who.int/health-topics/tuberculosis#tab=tab_1	Tuberculose
Weekly Epidemiological Record	http://www.who.int/wer	Relevé épidémiologique hebdomadaire
WHO Lyon Office for National Epidemic Preparedness and Response	https://www.who.int/about/structure/lyon-office	Bureau OMS de Lyon pour la préparation et la réponse des pays aux épidémies
Yellow fever	https://www.who.int/health-topics/yellow-fever#tab=tab_1	Fièvre jaune
Zika virus disease	https://www.who.int/health-topics/zika-virus-disease#tab=tab_1	Maladie à virus Zika