



Organisation mondiale de la Santé

# Weekly epidemiological record

## Relevé épidémiologique hebdomadaire

17 MARCH 2023, 97th YEAR / 17 MARS 2023, 97<sup>e</sup> ANNÉE

No 11, 2023, 98, 99–110

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

### Contents

- 99 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season

### Sommaire

- 99 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord

## Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season

### February 2023

WHO convenes technical consultations<sup>1</sup> in February and September each year to recommend viruses for inclusion in influenza vaccines<sup>2</sup> for the northern hemisphere (NH) and southern hemisphere (SH) influenza seasons, respectively. This recommendation relates to the influenza vaccines for use in the NH 2023–2024 influenza season. A recommendation will be made in September 2023 relating to vaccines that will be used for the SH 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.<sup>3</sup>

### Seasonal influenza activity, September 2022–January 2023

From September 2022 through January 2023, influenza activity was reported in all regions, with many regions having seen activity return to levels typical of pre-COVID-19 pandemic years. During this period, influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and influenza B viruses circulated, although the proportions of viruses circulating varied between reporting countries. In most countries, influenza A virus detections outnumbered those of influenza B.

## Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord

### Février 2023

En février et en septembre de chaque année, l'OMS organise des consultations techniques<sup>1</sup> en vue de formuler des recommandations sur les virus devant entrer dans la composition des vaccins antigrippaux<sup>2</sup> 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 2023-2024 dans l'hémisphère Nord. Pour la saison grippale 2024 dans l'hémisphère Sud, une recommandation sera formulée en septembre 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.<sup>3</sup>

### Activité grippale saisonnière, septembre 2022-janvier 2023

De septembre 2022 à janvier 2023, une activité grippale a été signalée dans toutes les Régions et nombre d'entre elles ont vu l'activité grippale revenir à des niveaux typiques des années précédant la pandémie de COVID-19. 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 plupart des pays, les détections de virus grippaux A ont été plus nombreuses que celles de virus grippaux B.

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

<sup>2</sup> Description of the process of influenza vaccine virus selection and development available at: [http://www.who.int/gb/pip/pdf\\_files/Fluvaccvirusselection.pdf](http://www.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf)

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

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

<sup>2</sup> 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](http://www.who.int/gb/pip/pdf_files/Fluvaccvirusselection.pdf)

<sup>3</sup> Vaccins antigrippaux dans les pays tropicaux et subtropicaux: voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/vaccine-in-tropics-and-subtropics>

In the temperate zone of the northern hemisphere, influenza activity started increasing in October and reached its highest levels in December. Between January and mid-February 2023, influenza activity decreased in most countries. Overall, influenza A(H3N2) viruses have dominated.

Countries in North America reported a predominance of A(H3N2), with lower levels of A(H1N1)pdm09 and very few influenza B viruses detected.

Countries in northern Europe reported circulation of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses, whereas in countries in south-eastern Europe, A(H3N2) represented the majority of detections. A predominance of A(H1N1)pdm09 viruses was reported from countries in eastern Europe, particularly the Russian Federation.

In northern Africa, A(H3N2) viruses predominated from September through November, while A(H1N1)pdm09 viruses represented the majority of detections in December and January 2023. In recent weeks, however, northern African countries and all regions in Europe have reported an increasing proportion of specimens testing positive for influenza B viruses.

Countries in western Asia had circulation of A(H3N2), A(H1N1)pdm09 and B viruses, while central Asian countries had a predominance of A(H1N1)pdm09 or B viruses. In East Asia (China) influenza activity resulted from the circulation of A(H3N2) viruses through the end of December. An increase in influenza activity since February 2023 in China has been due to the cocirculation of A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses.

### Tropical and subtropical areas

In countries of Central America and the Caribbean, influenza A(H3N2) predominated. In tropical South America, influenza activity was dominated by influenza A(H3N2), and since January 2023, increasing proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and B viruses have been detected.

In Southern and South-East Asia, influenza activity resulted from cocirculation of influenza types or subtypes in a number of countries. Both A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses circulated in India and Nepal, while Pakistan reported codominance of influenza B and A(H1N1)pdm09 viruses. The Islamic Republic of Iran had circulation of A(H3N2), A(H1N1)pdm09 and B viruses. Cambodia, the Lao People's Democratic Republic and Viet Nam experienced cocirculation of A(H3N2) and B viruses. The majority of influenza B virus detections in South-East Asia was reported by Malaysia.

In the tropical and subtropical countries of Africa, influenza activity mostly remained at low levels during this reporting period but persisted in several countries through early January 2023. A(H1N1)pdm09 viruses predominated in eastern Africa (particularly in Ethiopia, Kenya, Madagascar and Mozambique), while A(H3N2) or B viruses represented the majority of influenza detections in western Africa (influenza B viruses in Ghana and Senegal, and A(H3N2) viruses in Togo).

Dans la zone tempérée de l'hémisphère Nord, l'activité grippale a commencé à augmenter en octobre et a culminé en décembre. Entre janvier et la mi-février 2023, l'activité grippale a diminué dans la plupart des pays. Globalement, les virus de la grippe A(H3N2) ont dominé.

Les pays d'Amérique du Nord ont signalé une prédominance de virus A(H3N2), une circulation moindre de virus A(H1N1)pdm09 et très peu de virus grippaux B.

Les pays d'Europe du Nord ont signalé une cocirculation de virus grippaux A(H1N1)pdm09 et A(H3N2), tandis que dans les pays d'Europe du Sud-Est, les virus A(H3N2) représentaient la majorité des détections. Une prédominance de virus A(H1N1)pdm09 a été rapportée dans les pays d'Europe orientale, en particulier dans la Fédération de Russie.

En Afrique du Nord, les virus A(H3N2) ont prédominé de septembre à novembre, tandis que les virus A(H1N1)pdm09 ont représenté la majorité des détections en décembre et janvier 2023. Toutefois, ces dernières semaines, les pays d'Afrique du Nord et toutes les régions d'Europe ont signalé une proportion croissante d'échantillons testés positifs pour les virus grippaux B.

Les pays d'Asie occidentale ont connu une circulation de virus A(H3N2), A(H1N1)pdm09 et B, et les pays d'Asie centrale une prédominance de virus A(H1N1)pdm09 ou B. En Asie de l'Est (Chine), des virus A(H3N2) ont circulé jusqu'à la fin de décembre. L'augmentation de l'activité grippale observée depuis février 2023 en Chine est due à la cocirculation de virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2).

### Zones tropicales et subtropicales

Dans les pays d'Amérique centrale et des Caraïbes, la grippe A(H3N2) a prédominé. Les virus grippaux A(H3N2) étaient majoritaires dans les zones tropicales d'Amérique du Sud et, depuis janvier 2023, on observe des proportions croissantes de virus grippaux A(H1N1)pdm09 et B.

Dans un certain nombre de pays d'Asie du Sud et du Sud-Est, l'activité grippale était due à la cocirculation de différents types ou sous-types de virus grippaux. Des virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont circulé en Inde et au Népal, tandis que le Pakistan a signalé une codominance de virus grippaux B et A(H1N1)pdm09. La République islamique d'Iran a connu une circulation de virus A(H3N2), A(H1N1)pdm09 et B. Au Cambodge, en République démocratique populaire lao et au Viet Nam, des virus A(H3N2) et B ont cocirculé. La majorité des virus grippaux B en Asie du Sud-Est ont été détectés en Malaisie.

Dans les pays tropicaux et subtropicaux d'Afrique, l'activité grippale est restée globalement faible au cours de la période considérée, mais a persisté dans plusieurs pays jusqu'au début de janvier 2023. Les virus A(H1N1)pdm09 ont prédominé en Afrique orientale (en particulier en Éthiopie, au Kenya, à Madagascar et au Mozambique), tandis que les virus A(H3N2) ou B représentaient la majorité des détections de grippe en Afrique occidentale (grippe B au Ghana et au Sénégal, grippe A(H3N2) au Togo).

In the temperate zone of the southern hemisphere, the timing of influenza activity and proportions of viruses detected varied between reporting countries. A few countries detected high numbers of influenza viruses during this time period while influenza activity in other countries remained at inter-seasonal levels.

Influenza A virus detections predominated from September to November in South America. However, influenza B virus detections increased after November, to become the majority of viruses reported in some countries such as Argentina and Paraguay. Chile reported high influenza activity with the majority of detections being A(H3N2) viruses.

A few countries in South America (Argentina and Chile) experienced a peak of influenza virus detections during their summer months. South Africa also experienced a wave of influenza activity from September through mid-November with influenza B and A(H3N2) viruses detected.

In Oceania, influenza activity since September has been low and continued to remain at inter-seasonal levels except in Fiji. Influenza detections in Fiji were A(H1N1)pdm09 viruses.

Globally, all circulating influenza B viruses, where lineage was confirmed, belonged to the B/Victoria/2/87 lineage (*Map 1*).

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

### Zoonotic influenza infections

In the period between 20 September 2022 and 20 February 2023, 3 human cases of A(H5N6), 2 cases of A(H5N1) and 8 cases of A(H9N2) infection in China were reported. Additional A(H5N1) detections in humans were reported in Ecuador (1), Spain (2) and Viet Nam (1).

Three cases of A(H1N1)v virus infection were reported, one in Brazil and 2 in China. 2 cases of A(H1N2)v virus infection were reported, one each in the Kingdom of the Netherlands and Taiwan, China. Two cases of A(H3N2)v virus infection were reported in the United States of America (USA).

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

#### Influenza A(H1N1)pdm09 viruses

Since 1 September 2022 A(H1N1)pdm09 viruses have circulated and were characterized from all geographic regions. Genetically characterized viruses had haemagglutinin (HA) genes that belong to 2 major phylogenetic clades: 5a.1 and 5a.2, with 5a.2 viruses representing the vast majority.

All viruses expressing clade 5a.2 HA genes collected since January 2022 have further diversified belonging to a newly designated subclade, 5a.2a, with additional HA1 amino acid substitutions K54Q, A186T, Q189E,

Dans les zones tempérées de l'hémisphère Sud, la chronologie de l'activité grippale et les proportions de virus détectés variaient d'un pays à l'autre. Quelques pays ont détecté un grand nombre de virus grippaux au cours de cette période, tandis que l'activité grippale est restée à des niveaux intersaisonniers dans d'autres pays.

Les virus grippaux A ont prédominé de septembre à novembre en Amérique du Sud. Toutefois, les detections de virus grippaux B ont augmenté après novembre, pour devenir majoritaires dans certains pays comme l'Argentine et le Paraguay. Le Chili a signalé une forte activité grippale, principalement due à des virus A(H3N2).

Quelques pays d'Amérique du Sud (Argentine et Chili) ont connu un pic de détection de virus grippaux pendant les mois d'été. L'Afrique du Sud a également connu une vague d'activité grippale due à des virus grippaux B et A(H3N2) entre septembre et la mi-novembre.

Depuis septembre, l'activité grippale est faible et reste à des niveaux intersaisonniers en Océanie, sauf aux Fidji où des virus A(H1N1)pdm09 ont été détectés.

À l'échelle mondiale, tous les virus grippaux B circulants dont la lignée a été confirmée appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87 (*Carte 1*).

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

#### Infections grippales zoonotiques

Entre le 20 septembre 2022 et le 20 février 2023, 3 cas humains de grippe A(H5N6), 2 cas de grippe A(H5N1) et 8 cas de grippe A(H9N2) ont été notifiés en Chine. D'autres cas de grippe A(H5N1) chez l'humain ont été signalées en Équateur (1), en Espagne (2) et au Viet Nam (1).

Le Brésil et la Chine ont signalé 1 cas et 2 cas de grippe A(H1N1)v, respectivement. Le Royaume des Pays-Bas et Taïwan ont chacun notifié 1 cas de grippe A(H1N2)v. Deux cas de grippe A(H3N2)v ont été notifiés aux États-Unis d'Amérique.

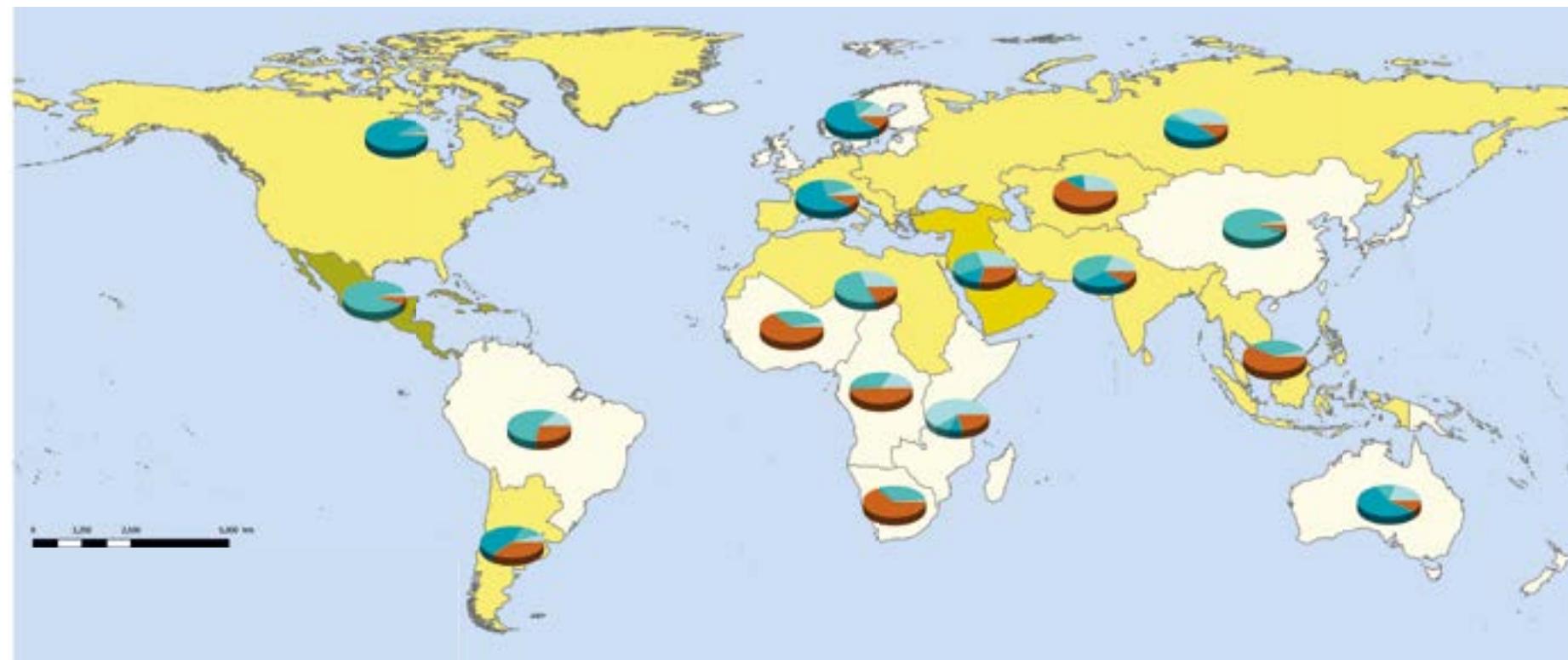
#### Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux saisonniers récents, sérologie humaine et sensibilité aux antiviraux

##### Virus grippaux A(H1N1)pdm09

Depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022, des virus A(H1N1)pdm09 circulent et ont été caractérisés dans toutes les régions géographiques. Les virus génétiquement caractérisés possédaient des gènes de l'hémagglutinine (HA) appartenant à 2 clades phylogénétiques majeurs, les clades 5a.1 et 5a.2; les virus 5a.2 étaient largement majoritaires.

Tous les virus exprimant les gènes HA du clade 5a.2 recueillis depuis janvier 2022 se sont encore diversifiés et appartenaient à un sous-clade nouvellement désigné, 5a.2a, qui présente au niveau de HA1 les substitutions supplémentaires d'acides

Map 1 Distribution of influenza-virus types/subtypes by influenza transmission zone, September 2022–January 2023  
 Carte 1 Répartition des types/sous-types de virus grippaux par zone de transmission de la grippe, septembre 2022 -janvier 2023



**Influenza transmission zones – Zones de transmission de la grippe**

Samples tested positive for influenza (%)\* – Échantillons testés positifs pour les virus grippaux (%)\*

0.0–10

>10 and/et ≤20

>20 and/et ≤30

>30

Data not available – Données non disponibles



**Virus types/subtype (%)\*\* – Types/sous-type de virus (%)\*\***

A(H1)

A(H1N1) pdm09

A(H3)

A (not subtyped) – A (non déterminé)

B

\* When total number of samples tested >10. – Quand le nombre total d'échantillons testés est >10.

\*\* When influenza positive samples >20. – Quand le nombre total d'échantillons testés positifs est >20.

Note: the available country data were joined in larger geographical areas with similar influenza transmission patterns to be able to give an overview ([https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/influenza-updates/2020/influenza\\_transmission\\_zones20180914.pdf?sfvrsn=dba8eca5\\_3i](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/influenza-updates/2020/influenza_transmission_zones20180914.pdf?sfvrsn=dba8eca5_3i)) – 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://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/influenza-updates/2020/influenza\\_transmission\\_zones20180914.pdf?sfvrsn=dba8eca5\\_3i](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/influenza-updates/2020/influenza_transmission_zones20180914.pdf?sfvrsn=dba8eca5_3i)).

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) 2023. All rights reserved. – © Organisation mondiale de la Santé (OMS) 2023. Tous droits réservés.

E224A, R259K and K308R, some of which are located in antigenic site Sb. For viruses expressing 5a.2a HA genes, many have additional HA1 substitutions of P137S, K142R, D260E and T277A, and are designated as subclade 5a.2a.1 (e.g., A/Wisconsin/67/2022). Many of these viruses also have HA1 substitution T216A. Viruses within subclades 5a.2a and 5a.2a.1 cocirculated with regional differences in proportionality; subclade 5a.2a.1 viruses predominated in North America and many countries in South America and Europe.

The antigenic characteristics of A(H1N1)pdm09 viruses were assessed in haemagglutination inhibition (HI) assays with post-infection ferret antisera. HI results for viruses with collection dates since 1 September 2022 showed that ferret antisera raised against the previous vaccine viruses (cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019-like and egg-propagated A/Victoria/2570/2019-like 5a.2 viruses) recognized the small number of 5a.1 test viruses poorly, however viruses in subclades 5a.2a and 5a.2a.1 were recognized well by these antisera. Ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Wisconsin/67/2022 and egg-propagated A/Victoria/4897/2022 from the 5a.2a.1 subclade recognized viruses in both 5a.2a and 5a.2a.1 subclades well.

Human serology studies used 17 serum panels from children (6 months to 17 years), adults (18-64 years) and elderly adults ( $\geq 65$  years) who had received egg-based quadrivalent inactivated vaccines (standard or adjuvanted), cell culture-based quadrivalent inactivated vaccines or recombinant quadrivalent vaccines formulated for the NH 2022-2023 season. NH 2022-2023 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 culture- and recombinant-based vaccines contained 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-like (B/Yamagata lineage) vaccine antigens.

Using these serum panels, reactivities of antibodies induced by 5a.2 A/Victoria/2570/2019 or A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like vaccine antigens against recent A(H1N1)pdm09 viruses were determined using HI assays. Compared to the responses to the egg- and cell culture-propagated A(H1N1)pdm09 vaccine viruses, post-vaccination geometric mean titres (GMTs) were reduced significantly in most serum panels against most recent A(H1N1)pdm09 viruses of subclades 5a.2a and 5a.2a.1 as well as some viruses of clade 5a.1 (Figure 1).

Of 1361 A(H1N1)pdm09 viruses collected since 1 September 2022 and examined for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analyses, 4 viruses had a H275Y and one virus had a S247G substitution in the neuraminidase. Of the 4 viruses with a H275Y substitution, 3 were available for phenotypic analysis and showed highly reduced inhibition by oseltamivir and peramivir, and normal

aminés K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K et K308R, dont certaines intéressent le site antigénique Sb. Un grand nombre de virus exprimant les gènes HA du clade 5a.2a entraînent les substitutions supplémentaires P137S, K142R, D260E et T277A dans HA1, et constituent le sous-clade 5a.2a.1 (par exemple A/Wisconsin/67/2022). Nombre d'entre eux présentent également la substitution T216A dans HA1. Les virus des sous-clades 5a.2a et 5a.2a.1 ont cocirculé dans des proportions différentes selon les régions; les virus du sous-clade 5a.2a.1 ont prédominé en Amérique du Nord et dans de nombreux pays d'Amérique du Sud et d'Europe.

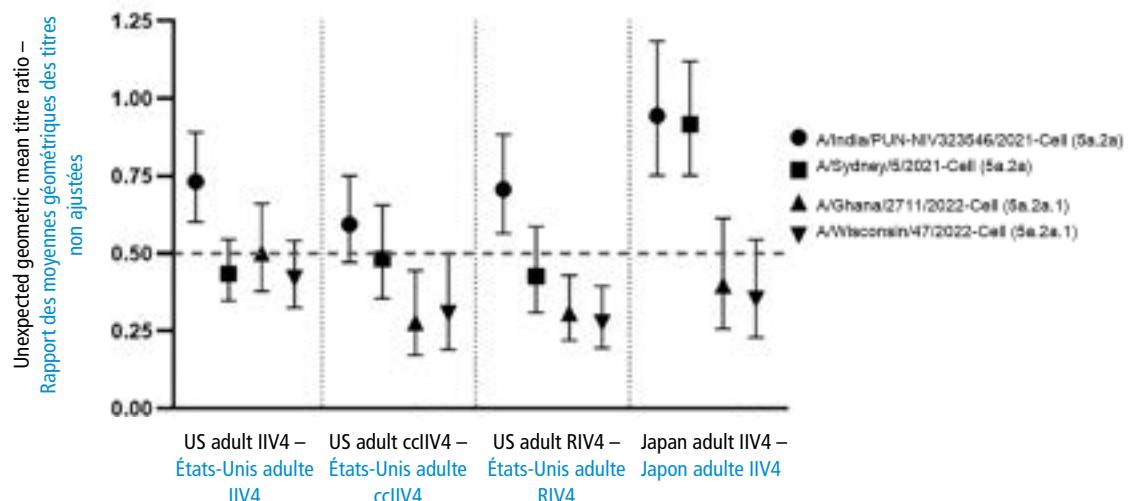
Les caractéristiques antigéniques des virus A(H1N1)pdm09 ont été déterminées au moyen d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination (IH) utilisant des antisérum de furet postinfection. Les résultats de l'IH pour les virus recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 ont montré que les antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux précédents (virus 5a.2 de type A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire et de type A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs) reconnaissaient mal les quelques virus 5a.1 testés, mais réagissaient bien avec les virus des sous-clades 5a.2a et 5a.2a.1. Les antisérum de furet dirigés contre les virus du sous-clade 5a.2a.1 A/Wisconsin/67/2022 propagés en culture cellulaire et A/Victoria/4897/2022 propagés sur œufs ont bien reconnu les virus des sous-clades 5a.2a et 5a.2a.1.

Les études sérologiques chez l'humain ont testé 17 panels de sérum provenant d'enfants (âgés de 6 mois à 17 ans), d'adultes (âgés de 18 à 64 ans) et de personnes âgées ( $\geq 65$  ans) qui avaient reçu un vaccin quadrivalent inactivé (standard ou adjuvanté) préparé sur œufs, un vaccin quadrivalent inactivé préparé en culture cellulaire ou un vaccin quadrivalent recombinant, formulés pour la saison grippale 2022-2023 dans l'hémisphère Nord. Les vaccins préparés sur œufs pour 2022-2023 dans l'hémisphère Nord contenaient des antigènes viraux 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 et recombinants contenaient des antigènes viraux 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).

À l'aide de ces panels de sérum, la réactivité des anticorps induits par les antigènes vaccinaux 5a.2 A/Victoria/2570/2019 ou de type A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09 contre les virus A(H1N1)pdm09 récents a été déterminée au moyen d'épreuves d'IH. Par rapport aux réponses obtenues avec les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 propagés sur œufs et en culture cellulaire, la moyenne géométrique des titres (MGT) postvaccination contre la plupart des virus A(H1N1)pdm09 récents des sous-clades 5a.2a et 5a.2a.1 et contre certains virus du clade 5a.1 était significativement réduite dans la majorité des panels de sérum (Figure 1).

Sur les 1361 virus A(H1N1)pdm09 recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase (INA), 4 virus présentaient une substitution H275Y et 1 virus une substitution S247G au niveau de la neuraminidase. Sur les 4 virus possédant la substitution H275Y, 3 étaient disponibles pour une analyse phénotypique, laquelle a mis en évidence une forte réduction de l'inhibition

Figure 1 A(H1N1)pdm09 post-vaccination human serology analysis  
 Figure 1 Analyse de sérum humain postvaccination contre les virus A(H1N1)pdm09



inhibition by zanamivir and laninamivir. The virus with a S247G substitution in the neuraminidase showed reduced inhibition by oseltamivir and normal inhibition by zanamivir, peramivir and laninamivir. Of 1107 A(H1N1)pdm09 viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir marboxil.

### Influenza A(H3N2) viruses

Phylogenetic analysis of the HA gene of A(H3N2) viruses collected since 1 September 2022 showed that 2 major clades circulated in this period: clade 1, complete classification 3C.2a1b.2a.1 and clade 2, complete classification 3C.2a1b.2a.2. Clade 1 HA genes have evolved into subclade 1a.1 (typically encoding I48T and K171N substitutions) and were detected primarily in viruses circulating in China. The clade 2 HA genes (typically encoding Y159N, T160I, L164Q, G186D and D190N substitutions) predominated in all geographic regions and have evolved into multiple subclades. Owing to substantial evolution and cocirculation of multiple clade 2 HA subclades, new designations were developed to better define and track the HA evolution (*Table 1*); a labelled phylogeny can be visualized at nextstrain/flu/seasonal/h3n2/ha/2y. Four subclades (i.e., 2a-2d) have evolved and are undergoing diversifying and parallel evolution.

The various HA subclades were found in different regions globally and viruses with HA genes from multiple subclades cocirculated in several geographic regions in varying proportions. In Europe, the 2b HA predominated, while in Africa 2a.3 HA and its subclades (2a.3a and 2a.3a.1) predominated. The HA genes of viruses circulating in Asia were predominantly 2a.3a.1, 2a.3b or 2b and in Oceania, 2a.1, 2a.3a.1, 2a.1b and 2b HA containing viruses cocirculated at low levels. In North America, primarily 2b, 2a.1b and 2a.1 HA genes were

par l'oseltamivir et le péramivir et une inhibition normale par le zanamivir et le laninamivir. Le virus portant la substitution S247G au niveau de la neuraminidase a montré une inhibition réduite par l'oseltamivir et une inhibition normale par le zanamivir, le péramivir et le laninamivir. Aucun des 1107 virus A(H1N1)pdm09 soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique n'a montré de sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir marboxil.

### Virus grippaux A(H3N2)

L'analyse phylogénétique du gène HA des virus A(H3N2) recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 a montré que 2 clades majeurs ont circulé au cours de cette période: le clade 1 (classification complète 3C.2a1b.2a.1) et le clade 2 (classification complète 3C.2a1b.2a.2). Les gènes HA du clade 1 ont évolué en sous-clade 1a.1 (codant typiquement pour les substitutions I48T et K171N) et ont été détectés principalement dans les virus circulant en Chine. Les gènes HA du clade 2 (codant typiquement pour les substitutions Y159N, T160I, L164Q, G186D et D190N) ont prédominé dans toutes les régions géographiques et ont évolué en plusieurs sous-clades. En raison de l'évolution substantielle et de la cocirculation de plusieurs sous-clades d'hémagglutinines issus du clade 2, de nouvelles désignations ont été élaborées pour mieux définir et suivre l'évolution de l'hémagglutinine (*Tableau 1*); une phylogénie étiquetée est disponible à l'adresse [nextstrain.org/flu/seasonal/h3n2/ha/2y](https://nextstrain.org/flu/seasonal/h3n2/ha/2y). Quatre sous-clades (2a à 2d) ont évolué et connaissent une diversification et une évolution parallèle.

Ces différents sous-clades d'hémagglutinines ont été détectés dans plusieurs régions du monde et des virus possédant des gènes HA de divers sous-clades ont cocirculé dans plusieurs régions géographiques dans des proportions variables. En Europe, l'hémagglutinine du sous-clade 2b a prédominé, tandis qu'en Afrique, l'hémagglutinine 2a.3 et ses sous-clades (2a.3a et 2a.3a.1) étaient majoritaires. Les gènes HA des virus circulant en Asie appartenient principalement aux sous-clades 2a.3a.1, 2a.3b ou 2b et, en Océanie, des virus contenant l'hémagglutinine des sous-clades 2a.1, 2a.3a.1, 2a.1b et 2b ont cocirculé à de

Table 1 2023 H3 3C.2a1b.2a subclade designations  
Tableau 1 Désignations des sous-clades H3 3C.2a1b.2a de 2023

Subclade – Sous-clade	Defining amino acid substitutions – Substitutions d'acides aminés caractéristiques
2a	Clade 2 + H156S – Clade 2 + H156S
2a.1	Subclade 2a + D53G, D104G, K276R – Sous-clade 2a + D53G, D104G, K276R
2a.1a	Subclade 2a.1 + L157I, K220R – Sous-clade 2a.1 + L157I, K220R
2a.1b	Subclade 2a.1 + I140K, R299K – Sous-clade 2a.1 + I140K, R299K
2a.2	Subclade 2a + D53G, R201L, S219Y – Sous-clade 2a + D53G, R201L, S219Y
2a.3	Subclade 2a + D53N, N96S, I192F – Sous-clade 2a + D53N, N96S, I192F
2a.3a	Subclade 2a.3 + E50K – Sous-clade 2a.3 + E50K
2a.3a.1	Subclade 2a.3a + I140K – Sous-clade 2a.3a + I140K
2a.3b	Subclade 2a.3a + I140M – Sous-clade 2a.3a + I140M
2b	Clade 2 + E50K, F79V, I140K – Clade 2 + E50K, F79V, I140K
2c	Clade 2 + S205F, A212T – Clade 2 + S205F, A212T
2d	Clade 2 + G62R, H156Q, S199P – Clade 2 + G62R, H156Q, S199P

+ indicates the additional amino acid substitutions typically found in each subclade. – + indique les substitutions d'acides aminés supplémentaires que l'on trouve généralement dans chaque sous-clade

detected. In central and South America, 2b and 2a.3 HA genes were detected. Globally, the HA subclades that predominated over the past 6 months were 2b, 2a.3a.1 and 2a.1b.

Generally, ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like viruses and egg-propagated A/Darwin/9/2021-like viruses, representing the clade 2a vaccine viruses for the NH 2022-2023 and SH 2023 influenza seasons, recognized viruses expressing 2a (including subclades) HA genes well. However, viruses expressing 2b HA genes reacted less well with these antisera. Viruses expressing clade 1a.1 HA genes were recognized well by ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Cambodia/e0826360/2020-like viruses (clade 1a) but were generally recognized poorly by ferret antisera raised against clade 2a vaccine viruses.

Human serology studies were conducted with serum panels as described above using HI and virus neutralization (VN) assays. When compared to titres against cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like vaccine reference viruses, post-vaccination VN GMTs against recent A(H3N2) viruses with clade 2a (including 2a.1b, 2a.3a.1), 2b, and 1a.1 HA genes were not significantly reduced in most serum panels. Reductions of GMTs were observed when compared to egg-propagated A/Darwin/9/2021-like reference viruses.

Of 2686 influenza A(H3N2) viruses collected since 1 September 2022 and examined for NAI susceptibility by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced inhibition by NAIs. Of 2 429 A(H3N2) viruses examined for endonuclease inhibitor baloxavir marboxil susceptibility by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced susceptibility to endonuclease inhibitor baloxavir marboxil.

faibles niveaux. En Amérique du Nord, on a principalement détecté des gènes HA 2b, 2a.1b et 2a.1. En Amérique centrale et en Amérique du Sud, des gènes HA 2b et 2a.3 ont été détectés. À l'échelle mondiale, les sous-clades 2b, 2a.3a.1 et 2a.1b ont prédominé au cours des 6 derniers mois.

De manière générale, les antisérum de furet dirigés contre les virus de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et de type A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs, représentant les virus vaccinaux du clade 2a recommandés pour les saisons grippales 2022-2023 dans l'hémisphère Nord et 2023 de l'hémisphère Sud, ont bien reconnu les virus portant les gènes HA du clade 2a (y compris les sous-clades). Cependant, les virus exprimant les gènes HA du clade 2b ont moins bien réagi avec ces antisérum. Les virus exprimant les gènes HA du clade 1a.1 étaient bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus de type A/Cambodia/e0826360/2020 propagés en culture cellulaire (clade 1a), mais généralement mal reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus vaccinaux du clade 2a.

Des études sérologiques chez l'humain ont été menées au moyen d'épreuves d'HI et de neutralisation virale utilisant les panels de sérum décrits ci-dessus. Par rapport aux titres obtenus contre les virus vaccinaux de référence de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire, la MGT postvaccination obtenue dans les épreuves de neutralisation virale contre les virus A(H3N2) récents portant les gènes HA des clades 2a (y compris 2a.1b et 2a.3a.1), 2b et 1a.1 n'a pas été significativement réduite dans la plupart des panels de sérum. Des baisses de la MGT ont été observées lorsque la comparaison portait sur les virus de référence de type A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs.

Sur les 2686 virus grippaux A(H3N2) recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase, aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par les INAs. Aucun des 2429 virus A(H3N2) ayant fait l'objet d'une analyse génétique et/ou phénotypique de la sensibilité à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir marboxyl n'a montré de signes de sensibilité réduite à cet inhibiteur.

## Influenza B viruses

Globally, influenza B viruses represented 5.8% of the viruses detected since 1 September 2022, and all of those characterized 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 encoded amino acid substitutions G133R and K136E, and a triple amino acid deletion (positions 162-164), in HA1. A small number of viruses expressing 1A.3 HA genes with additional substitutions T73I and N233K (resulting in the loss of a glycosylation site) in HA1 were detected in North and Central America. The great 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 are designated as 1A.3a. The 1A.3a HA had previously diversified into 2 main subclades, one with additional HA1 substitutions V220M and P241Q (designated as 3a.1; none detected in this time period) and the other with HA1 substitutions A127T, P144L and K203R (designated as 3a.2). The 3a.2 HA genes have predominated in Africa, Asia (including China), Europe, North America, Oceania, and South America. The 3a.2 HA genes have diversified into numerous clusters, defined by additional HA1 amino acid substitutions, with the majority sharing the substitution D197E in HA1.

Antigenic analysis showed that post-infection ferret antisera raised against B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a.2) recognized viruses in the 3a.2 subclade well. The small number of viruses in clade 1A.3 were 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).

In human serology studies using the serum panels described above, post-vaccination HI GMTs against recent B/Victoria lineage viruses expressing 3a.2 HA genes were not significantly reduced when compared to titres against egg- or cell culture-propagated B/Austria/1359417/2021 (3a.2) vaccine viruses. Significant reductions were detected with some serum panels for viruses expressing 1A.3 HA genes. Due to the lack of available recent viruses, serology studies were not performed for the B/Yamagata lineage.

Of 472 influenza B/Victoria lineage viruses collected since 1 September 2022 and examined for neuraminidase inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced inhibition by NAIs oseltamivir and zanamivir. Of 374 B/Victoria lineage viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir marboxil.

## Virus grippaux B

À l'échelle mondiale, les virus de la grippe B représentaient 5,8% des virus détectés depuis le 1er septembre 2022, et tous ceux qui ont été caractérisés appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. Il n'y a pas eu de détection confirmée de virus circulants de la lignée B/Yamagata/16/88 après mars 2020.

Les gènes HA des virus de la lignée B/Victoria qui ont été analysés pendant cette période appartenaient au clade 1A.3, caractérisé par la présence des substitutions d'acides aminés G133R et K136E et d'une triple délétion d'acides aminés dans HA1 (positions 162 à 164). Quelques virus exprimant les gènes HA du clade 1A.3 codant les substitutions supplémentaires T73I et N233K (entraînant la perte d'un site de glycosylation) dans HA1 ont été détectés en Amérique du Nord et en Amérique centrale. La grande majorité des virus possédant des gènes HA du clade 1A.3 présentent les substitutions supplémentaires N150K, G184E, N197D (entraînant la perte d'un site de glycosylation) et R279K au niveau de HA1 et ont été désignés comme appartenant au groupe 1A.3a. Les HA 1A.3a s'étaient précédemment diversifiées en 2 sous-clades principaux, l'un portant les substitutions supplémentaires V220M et P241Q dans HA1 (désigné comme 3a.1; aucun n'a été détecté au cours de cette période) et l'autre portant les substitutions A127T, P144L et K203R dans HA1 (désigné 3a.2). Les gènes HA du sous-clade 3a.2 ont prédominé en Afrique, en Amérique du Nord, en Amérique du Sud, en Asie (y compris en Chine), en Europe et en Océanie. Les gènes HA 3a.2 se sont diversifiés en de nombreux groupes, définis par des substitutions d'acides aminés supplémentaires au niveau de HA1, la majorité d'entre eux partageant la substitution D197E dans HA1.

L'analyse antigénique a montré que les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2) ont bien reconnu les virus du sous-clade 3a.2. Les quelques virus du clade 1A.3 étaient bien reconnus par les antisérum de furet dirigés contre les virus de type B/Washington/02/2019 (1A.3), mais mal reconnus par ceux dirigés contre les virus de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2).

Dans les études sérologiques chez l'humain utilisant les panels de sérum décrits ci-dessus, la MGT obtenue dans les épreuves d'IH postvaccination contre les virus récents de la lignée B/Victoria exprimant les gènes HA 3a.2 n'a pas été significativement réduite par rapport à la MGT contre les virus vaccinaux B/Austria/1359417/2021 (3a.2) propagés sur œufs ou en culture cellulaire. Des réductions significatives ont été observées avec certains panels de sérum pour les virus exprimant les gènes HA 1A.3. Pour la lignée B/Yamagata, aucune étude sérologique n'a été réalisée en raison du manque de virus récents disponibles.

Sur les 472 virus grippaux de la lignée B/Victoria recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 et soumis à une analyse génétique et/ou phénotypique afin de déterminer leur sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase, aucun ne présentait de signes de réduction de l'inhibition par l'oseltamivir et le zanamivir. Aucun des 374 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 marboxil.

## **Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season**

The majority of A(H1N1)pdm09 viruses collected since 1 September 2022 had HA genes derived from clade 5a.2 (i.e., 6B.1A.5a.2); subclade 5a.2a was mainly detected in countries in Asia and 5a.2a.1 in countries in Europe, South America and North America. Post-infection ferret antisera raised against the NH 2022–2023 and SH 2023 A(H1N1)pdm09 vaccine components (NH: egg-propagated A/Victoria/2570/2019, cell culture-propagated A/Wisconsin/588/2019 (5a.2), and SH: cell culture- and egg-propagated A/Sydney/5/2021 (5a.2a)) recognized 5a.2, 5a.2a, and 5a.2a.1 viruses well, but 5a.1 viruses poorly. However, most serum panels in human serology assays showed markedly reduced post-vaccination GMTs against a number of recently circulating 5a.2a and 5a.2a.1 viruses 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.

## **Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord**

La majorité des virus A(H1N1)pdm09 recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 possédaient des gènes HA dérivés du clade 5a.2 (6B.1A.5a.2); le sous-clade 5a.2a a été principalement détecté dans des pays d'Asie et le sous-clade 5a.2a.1 dans des pays d'Europe, d'Amérique du Sud et d'Amérique du Nord. Les antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 recommandés pour la saison 2022-2023 dans l'hémisphère Nord et la saison 2023 dans l'hémisphère Sud (virus 5a.2 des lignées A/Victoria/2570/2019 propagés sur œufs et A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire pour l'hémisphère Nord; virus 5a.2a de la lignée A/Sydney/5/2021 propagés sur œufs et en culture cellulaire pour l'hémisphère Sud) ont bien reconnu les virus 5a.2, 5a.2a et 5a.2a.1 mais mal reconnu les virus 5a.1. Toutefois, les études sérologiques chez l'humain ont montré qu'avec la plupart des panels de sérum, la MGT postvaccination contre de nombreux virus 5a.2a et 5a.2a.1 récemment en circulation était nettement inférieure à celle obtenue contre les virus vaccinaux A/Wisconsin/588/2019 propagés en culture cellulaire ou les virus de type A/Victoria/2570/2019 A(H1N1)pdm09 propagés sur œufs.

**For trivalent vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season, the WHO recommends the following:**

### **Egg-based vaccines**

- an A/Victoria/4897/2022 (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/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/6/2021 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

**For quadrivalent egg- or cell culture-based or recombinant vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season, the WHO recommends inclusion of the following as the B/Yamagata lineage component:**

- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

**Pour les vaccins trivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2023–2024 dans l'hémisphère Nord, l'OMS recommande la composition suivante:**

### **Vaccins préparés sur œufs**

- un virus de type A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/9/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

### **Vaccins préparés en culture cellulaire ou recombinants**

- un virus de type A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09;
- un virus de type A/Darwin/6/2021 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

**Pour les vaccins quadrivalents préparés sur œufs ou en culture cellulaire ou recombinants destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2023–2024 dans l'hémisphère Nord, l'OMS recommande d'inclure le virus de la lignée B/Yamagata suivant:**

- un virus de type B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

The vast majority of A(H3N2) viruses collected since 1 September 2022 had HA genes derived from clade 2 (i.e., 3C.2a1b.2a.2) and have diversified into several new subclades. However, the majority of recently circulating viruses were recognized well by post-infection ferret antisera raised against NH 2022-2023 and SH 2023 vaccine viruses, cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 and egg-propagated A/Darwin/9/2021 (2a). Human serology assays showed that post-vaccination GMTs against A(H3N2) viruses with HA genes representing subclades 2a (with its emerging subclades) and 2b were not significantly reduced compared to titres against the cell culture-propagated A/Darwin/6/2021 vaccine virus.

All circulating influenza B viruses characterized since 1 September 2022 were of the B/Victoria/2/87 lineage. Most recent viruses expressed HA genes belonging to subclade 3a.2 (i.e., 1A.3a.2). A few viruses belonging to clade 1A.3 were detected in North and Central America. The great majority of the circulating viruses were recognized well by post-infection 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 representative B/Victoria lineage viruses expressing 3a.2 HA genes 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.<sup>4</sup> A list of reagents for vaccine standardization, including those for this recommendation, can also be found on the WHO website.

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

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,

La grande majorité des virus A(H3N2) recueillis depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 possédaient des gènes HA dérivés du clade 2 (3C.2a1b.2a.2) et se sont diversifiés en plusieurs nouveaux sous-clades. Cependant, la plupart des virus récemment en circulation étaient bien reconnus par des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs, recommandés pour les saisons grippales 2022-2023 dans l'hémisphère Nord et 2023 dans l'hémisphère 2023. Dans les études sérologiques chez l'humain, la MGT postvaccination contre les virus A(H3N2) possédant les gènes HA représentant les sous-clades 2a (et ses sous-clades émergents) et 2b n'était pas significativement réduite par rapport à celle obtenue contre les virus vaccinaux A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire.

Tous les virus grippaux B circulants caractérisés depuis le 1<sup>er</sup> septembre 2022 appartenaient à la lignée B/Victoria/2/87. La plupart des virus récents exprimaient des gènes HA appartenant au sous-clade 3a.2 (1A.3a.2). Quelques virus appartenant au clade 1A.3 ont été détectés en Amérique du Nord et en Amérique centrale. La grande majorité des virus circulants était bien reconnus par des antisérum de furet postinfection 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'humain, la MGT postvaccination contre les virus représentatifs de la lignée B/Victoria exprimant les gènes HA 3a.2 n'a pas été significativement réduite par rapport à la MGT contre 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.<sup>4</sup> Une liste des réactifs destinés à la standardisation des vaccins, y compris ceux qui sont concernés par la présente recommandation, est également publiée sur le site Web de l'OMS.

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

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 Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG,

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

<sup>5</sup> Vaccines against influenza WHO position paper - November 2012. Wkly Epidemiol Rec 2012;87(47):461-76. Available at: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/241994>

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

<sup>5</sup> Note de synthèse de l'OMS concernant les vaccins antigrippaux – novembre 2012. Wkly Epidemiol Rec 2012;87(47):461-76. Available at: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/241994>

- Hertfordshire, EN6 3QG, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (fax: +44 170 764 1050; email: [enquiries@nibsc.org](mailto:enquiries@nibsc.org); website: [http://www.nibsc.org/science\\_and\\_research/virology/influenza\\_resource.aspx](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: [cbershippingrequests@fda.hhs.gov](mailto:cbershippingrequests@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](mailto: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](mailto: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](mailto: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: [influenzavirussurveillance@cdc.gov](mailto:influenzavirussurveillance@cdc.gov), website: <http://www.cdc.gov/flu/>);
- (iv) WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, The Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, United Kingdom (Tel: +44 203 796 1520 or +44 203 796 2444, email: [whocc@crick.ac.uk](mailto: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](mailto:whocc-china@cnic.org.cn), website: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

WHO provides fortnightly updates<sup>6</sup> of global influenza activity. Other information about influenza surveillance can be found on the WHO Global Influenza Programme website.<sup>7</sup>

## 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,

Royaume-Uni (télécopie: +44 1707 641 050; courriel: [enquiries@nibsc.org](mailto:enquiries@nibsc.org); site Web: [http://www.nibsc.org/science\\_and\\_research/virology/influenza\\_resource.aspx](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](mailto: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](mailto: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](mailto: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](mailto: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](mailto: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](mailto: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](mailto:whocc-china@cnic.org), site Web: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

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

## 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

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

<sup>7</sup> See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

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

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. ■

## How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW server: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address: [http://www.who.int/wer/](http://www.who.int/wer)
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the *Weekly Epidemiological Record* (WER). To subscribe, please go to the home page of the WER and click on "Subscribe to the WER mailing list" or go directly to <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>. A request for confirmation will be sent in reply.

## Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer/>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du *Relevé épidémiologique hebdomadaire* (REH). Pour vous abonner, merci de vous rendre sur la page d'accueil du REH et de cliquer sur «S'abonner à la liste de distribution du REH» ou directement à l'adresse suivante: <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>. Une demande de confirmation vous sera envoyée en retour.

### [www.who.int/wer](http://www.who.int/wer)

Please subscribe at <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>  
Content management & production • [wantzc@who.int](mailto:wantzc@who.int) or [werreh@who.int](mailto:werreh@who.int)

### [www.who.int/wer](http://www.who.int/wer)

Merci de vous abonner à l'adresse suivante: <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>  
Gestion du contenu & production • [wantzc@who.int](mailto:wantzc@who.int) or [werreh@who.int](mailto:werreh@who.int)