



Organisation mondiale de la Santé

Weekly epidemiological record

Relevé épidémiologique hebdomadaire

22 MARCH 2024, 99th YEAR / 22 MARS 2024, 99^e ANNÉE

No 12, 2024, 99, 135–146

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

Contents

135 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024–2025 northern hemisphere influenza season

Sommaire

135 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2024–2025 dans l'hémisphère Nord

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024–2025 northern hemisphere influenza season

February 2024

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 NH 2024–2025 influenza season. A recommendation will be made in September 2024 relating to vaccines that will be used for the SH 2025 influenza season. WHO guidance for choosing between the northern and southern hemisphere formulations for countries in tropical and subtropical regions is available on the WHO Global Influenza Programme website.³

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.⁴

Seasonal influenza activity

From September 2023 through January 2024, influenza activity was reported in all

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2024–2025 dans l'hémisphère Nord

Février 2024

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 2024–2025 dans l'hémisphère Nord. Pour la saison grippale 2025 dans l'hémisphère Sud, une recommandation sera formulée en septembre 2024. Les orientations de l'OMS relatives au choix entre les formulations recommandées pour l'hémisphère Nord et celles pour l'hémisphère Sud dans les pays des régions tropicales et subtropicales sont disponibles sur le site Web du Programme mondial de lutte contre la grippe de l'OMS.³

Les autorités nationales ou régionales approuvent la composition et la formulation des vaccins qui seront administrés dans chaque pays et les autorités nationales de santé publique sont chargées de formuler des recommandations concernant leur utilisation. L'OMS a publié des recommandations sur la prévention de la grippe.⁴

Activité grippale saisonnière

Entre septembre 2023 et janvier 2024, une activité grippale a été signalée dans toutes les

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

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

⁴ See No. 19, 2022, pp. 185–208.

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

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>

⁴ Voir N° 19, 2022, pp. 185–208.

transmission zones⁵ and overall activity was similar compared to the same reporting period in 2023. The predominant viruses varied among zones and between countries (*Map 1*).

In Africa, influenza A and B viruses co-circulated, with predominance of influenza A and roughly equal circulation of A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) across the continent. In Northern Africa, influenza activity increased through the current reporting period, with a predominance of A(H1N1)pdm09 viruses. In Eastern Africa, influenza A predominated, with primarily A(H3N2) viruses detected; however, there were more influenza B/Victoria/2/87 (B/Victoria) lineage viruses detected at the start of the reporting period. In Middle Africa, while overall detections remained low, there was an increase in activity with a peak in November; influenza A(H1N1) pdm09, A(H3N2), and B/Victoria lineage viruses co-circulated. In Southern Africa, influenza activity remained low throughout the reporting period, with a predominance of B/Victoria lineage viruses. In Western Africa, influenza activity peaked in September with mostly A(H1N1)pdm09 viruses detected.

In Asia, influenza virus detections peaked in December. Most detections were reported from Eastern Asia with predominance of influenza A(H3N2) viruses, followed by mostly B/Victoria lineage viruses since mid-January. In South-East Asia, influenza detections remained relatively stable throughout the reporting period and influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and B/Victoria lineage viruses co-circulated. In Southern Asia, activity peaked in mid-October with A(H1N1)pdm09 viruses representing the majority of detections. In Central Asia, detections were low during the first half of the reporting period but activity increased and peaked in mid-December with A(H3N2) viruses most commonly detected. In Western Asia, there was an overall increase in influenza detections through November with co-circulation of A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and B/Victoria lineage viruses.

In Europe, influenza activity increased over the reporting period; influenza A predominated with co-circulation of A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses. In Northern Europe, similar proportions of influenza A(H1N1) pdm09 and A(H3N2) viruses were detected, in South West Europe A(H1N1)pdm09 viruses predominated, while in Eastern Europe mostly influenza A(H3N2) viruses were detected. Influenza B/Victoria lineage viruses were mostly detected in January in Eastern Europe but throughout the reporting period in South-West Europe and Northern Europe.

In the Americas, influenza activity varied by transmission zone. In North America, activity remained elevated with a predominance of A(H1N1)pdm09 viruses. In Central America and the Caribbean, influenza activity increased starting in November and remained elevated in January; most detections were A(H1N1)pdm09

zones de transmission,⁵ globalement comparable à celle enregistrée pendant la même période en 2023. Cependant, les virus prédominants étaient différents d'une zone à l'autre et d'un pays à l'autre (*Carte 1*).

En Afrique, on a constaté une cocirculation des virus grippaux A et B, avec une prédominance des virus A et une circulation en proportions à peu près égales des virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) sur tout le continent. En Afrique du Nord, l'activité grippale a augmenté au cours de la période couverte par ce rapport, marquée par une prédominance des virus A(H1N1)pdm09. En Afrique de l'Est, les virus grippaux A étaient prédominants, principalement les virus A(H3N2); toutefois, les détections de virus de la lignée B/Victoria/2/87 (B/Victoria) ont été plus nombreuses au début de la période considérée. En Afrique centrale, bien que le nombre de détections soit globalement resté faible, l'activité grippale a progressé pendant cette période et culminé en novembre, avec une cocirculation des virus grippaux A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et B/Victoria. En Afrique australe, l'activité grippale est restée faible tout au long de la période couverte par ce rapport, avec une prédominance des virus B/Victoria. En Afrique de l'Ouest, l'activité grippale a atteint un pic en septembre, les détections concernant principalement les virus A(H1N1)pdm09.

En Asie, les détections de virus grippaux ont culminé en décembre. La plupart des détections ont été signalées en Asie orientale avec une prédominance des virus grippaux A(H3N2), puis des virus de la lignée B/Victoria à partir de la mi-janvier. En Asie du Sud-Est, le nombre de détections de virus grippaux est resté relativement stable tout au long de la période considérée, avec une cocirculation des virus A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et B/Victoria. En Asie du Sud, l'activité a atteint un pic à la mi-octobre, les virus A(H1N1)pdm09 représentant la majorité des détections. En Asie centrale, les détections ont été peu nombreuses au cours de la première moitié de la période couverte par ce rapport, mais l'activité a ensuite augmenté et culminé à la mi-décembre, avec une prédominance des virus A(H3N2). En Asie occidentale, on a observé une augmentation globale des détections de virus grippaux jusqu'en novembre avec une cocirculation des virus A(H1N1)pdm09, A(H3N2) et B/Victoria.

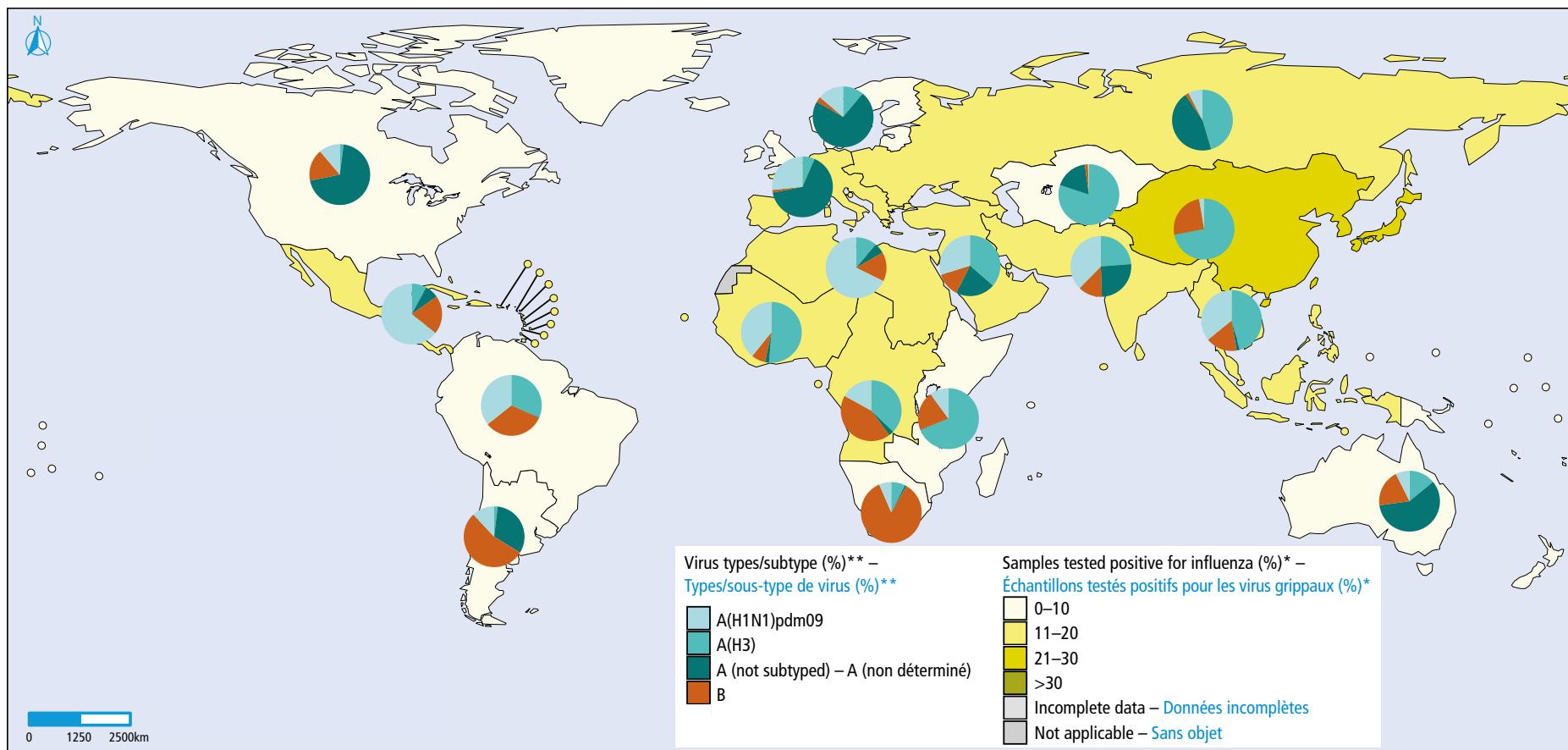
En Europe, l'activité grippale a augmenté au cours de la période considérée; les virus grippaux A étaient prédominants avec une cocirculation des virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2). En Europe du Nord, les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont circulé dans des proportions comparables; les premiers ont prédominé en Europe du Sud-Ouest, les seconds en Europe de l'Est. Les virus grippaux de la lignée B/Victoria ont été principalement détectés en janvier en Europe de l'Est, mais tout au long de la période considérée en Europe du Sud-Ouest et en Europe du Nord.

Dans les Amériques, l'activité grippale variait selon les zones de transmission. En Amérique du Nord, elle est demeurée élevée avec une prédominance des virus A(H1N1)pdm09. En Amérique centrale et dans les Caraïbes, elle a augmenté à partir de novembre et restait élevée en janvier; la plupart des détections concernaient les virus A(H1N1)pdm09. Dans les régions tropi-

⁵ Information in this report is categorized by influenza transmission zones, which are geographical groups of countries, areas or territories with similar influenza transmission patterns. For more information on influenza transmission zones, see https://www.who.int/publications/m/item/influenza_transmission_zones.

⁵ Les informations contenues dans ce rapport sont classées par zones de transmission de la grippe. Il s'agit de groupements géographiques de pays, de régions ou de territoires présentant des schémas similaires de transmission de la grippe. Pour plus d'informations sur les zones de transmission de la grippe, voir https://www.who.int/publications/m/item/influenza_transmission_zones

Map 1 Distribution of influenza-virus types/subtypes by influenza transmission zone, September 2023–January 2024
 Carte 1 Répartition des types/sous-types de virus grippaux par zone de transmission de la grippe, septembre 2023-janvier 2024



* 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://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) 2024. All rights reserved. – © Organisation mondiale de la Santé (OMS) 2024. Tous droits réservés.

viruses. In Tropical South America, influenza B/Victoria lineage viruses predominated at the start of the reporting period, but as activity increased into December and January, influenza A became the predominant circulating type with equal proportions of A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses detected. In Temperate South America, influenza activity was low during the reporting period; influenza A and B viruses co-circulated, with a predominance of B/Victoria lineage viruses.

In Oceania, influenza detections were at a decline from seasonal activity at the start of the reporting period and continued to decline. There was co-circulation of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses during the reporting period with some detections of influenza B/Victoria lineage viruses.

Influenza A

Globally, influenza A virus detections outnumbered those of influenza B. Influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses were reported in all transmission zones, although the predominating subtype varied. A(H1N1)pdm09 viruses were detected more frequently in the Americas and South Asia. A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses co-circulated in West Asia and A(H3N2) viruses predominated elsewhere in Asia. Europe and Africa reported similar proportions of influenza A(H1N1)pdm09 and A(H3N2) viruses with some variation among transmission zones. A predominance of A(H3N2) viruses was reported in Oceania towards the end of the reporting period.

Influenza B

Globally, influenza B virus detections were lower than those of influenza A. However, influenza B viruses predominated in Temperate South America, Middle Africa and Southern Africa. All influenza B viruses where lineage was confirmed belonged to the B/Victoria lineage. No naturally occurring B/Yamagata/16/88 (B/Yamagata) lineage viruses were detected.

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

During the period from 26 September 2023 to 19 February 2024, sporadic zoonotic influenza cases were reported following exposure to infected birds and swine in most cases. Two cases of A(H5N6), 4 cases of A(H9N2) and 1 case of A(H10N5) were reported in China and 8 cases of A(H5N1) were reported in Cambodia. Single cases of A(H1N1)v were reported in Brazil, Spain and Switzerland in this period. One case of A(H1N2)v was reported in the United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland.

Genetic and antigenic characteristics of recent seasonal influenza viruses, human serology and antiviral susceptibility

Influenza A(H1N1)pdm09 viruses

Since September 2023, A(H1N1)pdm09 viruses circulated globally and predominated in most geographic

cales d'Amérique du Sud, les virus de la lignée B/Victoria ont prédominé au début de la période considérée, mais à mesure que l'activité augmentait en décembre et janvier, la grippe A est devenue majoritaire, avec une circulation en proportions égales des virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2). Dans les régions tempérées d'Amérique du Sud, l'activité grippale a été faible au cours de la période couverte par ce rapport; les virus grippaux A et B ont cocirculé, avec une prédominance des virus de la lignée B/Victoria.

En Océanie, l'activité saisonnière a décliné au début de la période considérée et a continué de diminuer par la suite. On a observé une cocirculation des virus grippaux A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) au cours de cette période, avec quelques détections de virus de la lignée B/Victoria.

Grippe A

À l'échelle mondiale, les détections de virus grippaux A ont été plus nombreuses que les détections de virus grippaux B. Les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont été signalés dans toutes les zones de transmission, bien que dans des proportions variables. Les virus A(H1N1)pdm09 ont été détectés plus fréquemment dans les Amériques et en Asie du Sud. Les virus A(H1N1)pdm09 et A(H3N2) ont cocirculé en Asie occidentale et les virus A(H3N2) étaient prédominants ailleurs en Asie. L'Europe et l'Afrique ont signalé des proportions comparables de virus grippaux A(H1N1) pdm09 et A(H3N2), avec quelques variations selon les zones de transmission. Une prédominance des virus A(H3N2) a été observée en Océanie vers la fin de la période couverte par ce rapport.

Grippe B

À l'échelle mondiale, les détections de virus grippaux B ont été moins nombreuses que les détections de virus grippaux A, mais les virus B ont prédominé dans les régions tempérées d'Amérique du Sud et en Afrique centrale et australe. Tous les virus grippaux B dont la lignée a été confirmée appartenaient à la lignée B/Victoria. Aucun virus de la lignée B/Yamagata/16/88 (B/Yamagata) d'origine naturelle n'a été détecté.

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>.

Grippe zoonotique

Entre le 26 septembre 2023 et le 19 février 2024, des cas sporadiques de grippe zoonotique ont été signalés, le plus souvent à la suite d'une exposition à des oiseaux ou des porcs infectés. On a recensé 2 cas de grippe A(H5N6), 4 cas de grippe A(H9N2) et 1 cas de grippe A(H10N5) en Chine, et 8 cas de grippe A(H5N1) au Cambodge. Le Brésil, l'Espagne et la Suisse ont chacun notifié 1 cas de grippe A(H1N1)v pendant cette période. Un cas de grippe A(H1N2)v a été signalé au Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord.

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

Virus grippaux A(H1N1)pdm09

Depuis septembre 2023, les virus A(H1N1)pdm09 circulent dans le monde entier et sont prédominants dans la plupart des

regions. The haemagglutinin (HA) genes of viruses that were genetically characterized belonged to the 6B.1A.5a.2 clade. All viruses expressing clade 5a.2 HA genes have further diversified into designated subclades: the 6B.1A.5a.2a, with additional HA substitutions K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K and K308R; and the 6B.1A.5a.2a.1 subclade containing viruses expressing HA genes with additional substitutions P137S, K142R, D260E and T277A (e.g., A/Wisconsin/67/2022). Viruses from both subclades continued to circulate although their relative proportions differed among regions.

Within the 5a.2a subclade, several genetic groups were observed. A minor group with HA substitutions D94N and T216A predominated in Australia, Indonesia and New Zealand, and was detected in smaller proportions elsewhere. The largest group of 5a.2a viruses, defined by the HA substitution I418V, predominated in the Africa, Central America, Middle East, South-East Asia and some countries in Europe. Within the 5a.2a.1 subclade there were 2 main groups of viruses: one with T216A represented by A/Victoria/4897/2022, predominating in Canada, Japan, the Caribbean, the United States of America and some countries in Europe; and the other group represented by A/Wisconsin/67/2022, circulating in Brazil, Europe and South-East Asia.

The antigenic properties 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 September 2023 showed that ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Wisconsin/67/2022-like and egg-propagated A/Victoria/4897/2022-like viruses from the 5a.2a.1 subclade recognized viruses in both 5a.2a and 5a.2a.1 subclades well.

Human serology studies used 16 serum panels from children (6 months to 17 years), adults (18 to 64 years) and older adults (≥ 65 years) who had received egg-based quadrivalent inactivated (standard or adjuvanted), cell culture-propagated quadrivalent inactivated or recombinant HA quadrivalent vaccines with NH 2023-2024 influenza vaccine formulations. Egg-based vaccines contained A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-like, A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like, B/Austria/1359417/2021-like (B/Victoria lineage) and B/Phuket/3073/2013-like (B/Yamagata lineage) virus antigens. Cell culture-propagated and recombinant HA vaccines contained A/Wisconsin/67/2022 (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) virus antigens.

Recent A(H1N1)pdm09 viruses with HA genes from subclades 5a.2a and 5a.2a.1 were analysed in HI assays using these human serum panels. When compared to the responses to cell culture-propagated A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-like vaccine reference viruses, post-vaccination geometric mean titres (GMTs) were not significantly reduced for most recently circulating viruses.

Of 2089 A(H1N1)pdm09 virus clinical samples and isolates that were examined for neuraminidase

régions. Les virus qui ont été génétiquement caractérisés possédaient des gènes de l'hémagglutinine (HA) appartenant au clade 6B.1A.5a.2. Tous les virus exprimant des gènes HA du clade 5a.2 se sont ultérieurement diversifiés en 2 sous-clades: le sous-clade 6B.1A.5a.2a, qui présente les substitutions supplémentaires K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K et K308R au niveau de HA; et le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1, qui présente les substitutions supplémentaires P137S, K142R, D260E et T277A au niveau de HA (par exemple A/Wisconsin/67/2022). Les virus des deux sous-clades ont continué de circuler, bien que dans des proportions variables selon les régions.

Plusieurs groupes génétiques ont été observés au sein du sous-clade 5a.2a. Un groupe minoritaire portant les substitutions D94N et T216A sur HA qui était prédominant en Australie, en Indonésie et en Nouvelle-Zélande, et qui a été détecté dans de moindres proportions ailleurs; et le groupe le plus important, caractérisé par la substitution I418V sur HA, qui a prédominé en Afrique, en Amérique centrale, en Asie du Sud-Est, au Moyen-Orient, et dans certains pays d'Europe. Au sein du sous-clade 5a.2a.1, on a distingué 2 groupes principaux de virus: l'un avec la substitution T216A représenté par les virus A/Victoria/4897/2022, prédominant au Canada, dans les Caraïbes, aux États-Unis d'Amérique, dans certains pays d'Europe et au Japon; l'autre, représenté par les virus A/Wisconsin/67/2022, circulant en Asie du Sud-Est, au Brésil et en Europe.

Les propriétés 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. Les résultats de ces épreuves pour les virus isolés depuis septembre 2023 indiquent que les antisérum de furet dirigés contre les virus du sous-clade 5a.2a.1 de type A/Wisconsin/67/2022 propagés en culture cellulaire et de type 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 été réalisées avec 16 panels de sérum provenant d'enfants (âgés de 6 mois à 17 ans), d'adultes (18-64 ans) et de personnes âgées (≥ 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 à HA recombinante, formulés pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord. Les vaccins préparés sur œufs contenaient des antigènes de virus de type A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09, A/Darwin/9/2021 (H3N2), B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata). Les vaccins préparés en culture cellulaire et les vaccins à HA recombinante contenaient des antigènes de virus de type A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09, A/Darwin/6/2021 (H3N2), B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria) et B/Phuket/3073/2013 (lignée B/Yamagata).

Ces panels de sérum humain ont été testés contre des virus A(H1N1)pdm09 récents porteurs de gènes HA des sous-clades 5a.2a et 5a.2a.1 au moyen d'épreuves d'IH. La moyenne géométrique des titres d'anticorps (MGT) postvaccination obtenue avec les virus circulants les plus récents n'était pas significativement réduite par rapport aux réponses obtenues avec les virus vaccinaux de type A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09 propagés en culture cellulaire.

Parmi 2089 échantillons cliniques et isolats de virus A(H1N1)pdm09 dont la sensibilité aux inhibiteurs de la

inhibitor (NAI) susceptibility by genetic and/or phenotypic analyses, 22 viruses showed evidence of reduced susceptibility to NAIs. Seven had NA substitution H275Y, 1 had H275Y, I223V and S247N, and 14 had I223V and S247N. Nine of these 22 viruses were tested in phenotypic assays and showed reduced or highly reduced inhibition by NAIs.

Of 1656 A(H1N1)pdm09 viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, 1 had the PA substitution Y24H and 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 showed that viruses belonging to clade 3C.2a1b.2a.2 predominated in all geographic regions and have evolved into multiple subclades. Since September 2023, the vast majority of viruses detected within this clade belonged to 2a.3a.1 with further diversification into several subclades. Viruses with HA substitutions N122D (loss of putative glycosylation site) and K276E predominated in Europe, North America, Oceania and West and South Asia. Another subclade of viruses with HA substitutions I25V, V347M and I418V was detected globally and predominated in Africa, East Asia and South America. A 3rd virus subclade with the HA substitution V505I was detected in South and East Asia.

Generally, post-infection ferret antisera raised against cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like viruses and egg-propagated A/Darwin/9/2021-like viruses (subclade 2a), representing the vaccine viruses for the NH 2023-2024 influenza season, recognized many recent clade 2 viruses well, but reduced reactivity was seen against some recent viruses expressing HA genes from 2a.3a.1 subclades. Ferret antisera raised against 2a.3a.1 viruses (e.g., cell-propagated A/Massachusetts/18/2022-like and egg-propagated A/Thailand/8/2022-like, representing the vaccine viruses for the SH 2024 influenza season) recognized the majority of recent viruses expressing HA genes from clade 2a.3a.1 well, however, some viruses within this clade were less well recognized by these antisera.

Human serology studies were conducted using the serum panels as described above by HI and virus neutralization (VN) assays with recent circulating A(H3N2) viruses with HA genes from 2a.3a.1, 2a.1b and 2b clades. When compared to titres against cell-propagated A/Darwin/6/2021-like vaccine reference viruses, post-vaccination HI or VN GMTs against some recent 2a.3a.1 viruses were significantly reduced with some serum panels.

Of 3046 influenza A(H3N2) viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced susceptibility to NAIs. Of 1450 A(H3N2) viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, 4 showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir marboxil. These 4 viruses had substitutions at position 38 in PA.

neuraminidase (INA) a été évaluée par des analyses génétiques et/ou phénotypiques, 22 présentaient une sensibilité réduite aux INA: 7 portaient la substitution H275Y au niveau de la NA, 1 les substitutions H275Y, I223V et S247N, et 14 les substitutions I223V et S247N. Neuf de ces 22 virus ont fait l'objet d'analyses phénotypiques et ont montré une inhibition réduite ou fortement réduite par les INA.

Sur les 1656 virus A(H1N1)pdm09 soumis à des analyses génétiques et/ou phénotypiques, 1 présentait la substitution Y24H sur la polymérase acide (PA) et 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) a montré que les virus appartenant au clade 3C.2a1b.2a.2 étaient prédominants dans toutes les régions et ont évolué en plusieurs sous-clades. Depuis septembre 2023, la grande majorité des virus détectés au sein de ce clade appartenaient au sous-clade 2a.3a.1 et se sont ultérieurement diversifiés en d'autres sous-clades. Les virus portant la substitution N122D (perte du site de glycosylation présumé) et K276E sur HA étaient majoritaires en Amérique du Nord, en Asie de l'Ouest et du Sud, en Europe et en Océanie. Un autre sous-clade de virus présentant les substitutions I25V, V347M et I418V au niveau de HA a été détecté à l'échelle mondiale et a prédominé en Afrique, en Amérique du Sud et en Asie orientale. Un 3^e sous-clade de virus avec la substitution V505I sur HA a été détecté en Asie du Sud et de l'Est.

De manière générale, les antisérum de furets postinfection dirigés contre des virus de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire et des virus de type A/Darwin/9/2021 propagés sur œufs (sous-clade 2a), représentatifs des virus vaccinaux recommandés pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord, ont bien reconnu de nombreux virus récents du clade 2, mais ont moins bien réagi avec certains virus récents exprimant les gènes HA des sous-clades 2a.3a.1. Les antisérum de furet dirigés contre des virus 2a.3a.1 (par exemple les virus de type A/Massachusetts/18/2022 propagés en culture cellulaire et les virus A/Thailand/8/2022 propagés sur œufs, représentatifs des virus vaccinaux recommandés pour la saison grippale 2024 dans l'hémisphère Sud) ont bien reconnu la majorité des virus récents exprimant les gènes HA du clade 2a.3a.1, mais ont moins bien réagi avec certains virus de ce clade.

Des études sérologiques chez l'humain ont été menées à l'aide des panels de sérum décrits ci-dessus soumis à des épreuves d'IH et de neutralisation virale avec des virus A(H3N2) circulants récents portant les gènes HA des clades 2a.3a.1, 2a.1b et 2b. Par rapport aux titres observés avec les virus vaccinaux de référence de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire, la MGT postvaccination obtenue dans les épreuves d'IH et de neutralisation virale contre certains virus 2a.3a.1 était significativement réduite avec une partie de ces panels de sérum.

Aucun des 3046 virus A(H3N2) soumis à des analyses génétiques et/ou phénotypiques ne présentait de signes de sensibilité réduite aux INA. Sur les 1450 virus A(H3N2) soumis à des analyses génétiques et/ou phénotypiques, 4 ont montré de sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir marboxil. Ces 4 virus présentaient des substitutions en position 38 de la séquence de la PA.

Influenza B viruses

Since September 2023, influenza B viruses were detected in all WHO regions and all those characterized belonged to the B/Victoria lineage. There have been no confirmed detections of circulating B/Yamagata lineage viruses after March 2020.

The HA genes of B/Victoria lineage viruses characterized during this period belonged to clade 1A.3a which share the HA substitutions N150K, G184E, N197D (resulting in the loss of a putative glycosylation site) and R279K. The 1A.3a HA diversified into 2 main subclades, one with additional HA substitutions V220M and P241Q (designated as 3a.1) and the other with HA substitutions A127T, P144L and K203R (designated as 3a.2). Viruses with 3a.1 HA genes have continued to decline and only a few were detected in this period while viruses with 3a.2 HA genes have predominated globally. The 3a.2 HA genes have diversified further, with the majority sharing the substitution D197E.

Antigenic analysis showed that post-infection ferret antisera raised against B/Austria/1359417/2021-like viruses (3a.2) recognized the vast majority of viruses with 3a.2 HA genes well. The small number of viruses with clade 3a.1 HA genes were poorly recognized by these ferret antisera.

In human serology studies using the serum panels described above, post-vaccination HI GMTs against recent B/Victoria lineage viruses across the genetic diversity of clade 3a.2 were not significantly reduced when compared to titres against egg- or cell culture-propagated B/Austria/1359417/2021-like vaccine reference viruses. Serology studies were not performed for the B/Yamagata lineage virus.

Of 1663 influenza B/Victoria lineage viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, 4 showed evidence of reduced or highly reduced susceptibility to NAIs. Three viruses had NA substitutions H134Y, H273N or D197N, respectively. One virus did not possess any mutations that were previously associated with reduced susceptibility to NAIs. Of 951 B/Victoria lineage viruses examined by genetic and/or phenotypic analyses, none showed evidence of reduced susceptibility to the endonuclease inhibitor baloxavir marboxil.

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024-2025 northern hemisphere influenza season

Since September 2023, A(H1N1)pdm09 viruses circulated globally and predominated in most geographic regions. The HA genes of viruses that were genetically characterized belonged to the 6B.1A.5a.2 clade, with further diversity within the subclades. Subclade 5a.2a viruses predominated in Africa, Central America, Europe, the Middle East, Oceania and South-East Asia. Subclade 5a.2a.1 viruses within the group represented by A/Victoria/4897/2022 predominated in the Caribbean, Europe, Japan and the United States of America, whereas viruses represented by A/Wisconsin/67/2022 predominated in Brazil, Europe and South-East Asia.

Virus grippaux B

Depuis septembre 2023, des virus de la grippe B ont été détectés dans toutes les Régions de l'OMS et tous ceux qui ont été caractérisés appartenaient à la lignée B/Victoria. Aucune détection confirmée de virus circulants de la lignée B/Yamagata n'a été constatée depuis mars 2020.

Les gènes HA des virus de la lignée B/Victoria qui ont été analysés pendant cette période appartenaient au clade 1A.3a, caractérisé par la présence des substitutions N150K, G184E, N197D (entrant en perte d'un site de glycosylation présumé) et R279K. Ce groupe 1A.3a s'est diversifié en 2 principaux sous-clades, l'un présentant les substitutions supplémentaires V220M et P241Q (désigné 3a.1) et l'autre les substitutions A127T, P144L et K203R (désigné 3a.2) au niveau de HA. Le déclin des virus du sous-clade 3a.1 se poursuit – seules quelques détections ont été signalées au cours de cette période – tandis que les virus du sous-groupe 3a.2 ont prédominé dans le monde. Ces derniers se sont encore diversifiés; la majorité d'entre eux présentaient la substitution D197E au niveau de HA.

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 la grande majorité des virus du sous-clade 3a.2. Les quelques virus du sous-clade 3a.1 étaient mal reconnus par ces antisérum de furet.

Dans les études sérologiques chez l'humain réalisées avec les panels de sérum décrits ci-dessus, la MGT postvaccination obtenue dans les épreuves d'IH contre les virus récents représentatifs du groupe génétique diversifié du clade 3a.2 qui appartient à la lignée B/Victoria n'était pas significativement inférieure aux titres observés avec les virus vaccinaux de référence de type B/Austria/1359417/2021 propagés sur œufs ou en culture cellulaire. Aucune étude sérologique n'a été réalisée pour la lignée B/Yamagata.

Sur les 1663 virus de la lignée B/Victoria soumis à des analyses génétiques et/ou phénotypiques, 4 montrent une sensibilité réduite ou fortement réduite aux NA. Trois virus présentaient, respectivement, la substitution H134Y, H273N et D197N au niveau de NA. Un virus ne possédait aucune des mutations qui étaient auparavant associées à une sensibilité réduite aux NA. Aucun des 951 virus B/Victoria soumis à des analyses génétiques et/ou phénotypiques n'a montré de sensibilité réduite à l'inhibiteur de l'endonucléase baloxavir marboxil.

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2024-2025 dans l'hémisphère Nord

Depuis septembre 2023, les virus A(H1N1)pdm09 circulent dans le monde entier et sont prédominants dans la plupart des régions. Les gènes HA des virus qui ont été génétiquement caractérisés appartenaient au clade 6B.1A.5a.2 et se sont ultérieurement diversifiés au sein de sous-clades. Les virus du sous-clade 5a.2a étaient prédominants en Afrique, en Amérique centrale, en Asie du Sud-Est, en Europe, au Moyen-Orient et en Océanie. Les virus du sous-clade 5a.2a.1 au sein de ce groupe représentés par A/Victoria/4897/2022 ont prédominé dans les Caraïbes, aux États-Unis d'Amérique, en Europe et au Japon, tandis que les virus représentés par A/Wisconsin/67/2022 étaient majoritaires en Asie du Sud-Est, au Brésil et en Europe. Les

Post-infection ferret antisera raised against the NH 2023-2024 and SH 2024 A(H1N1)pdm09 vaccine components (cell culture-propagated A/Wisconsin/67/2022 and egg-propagated A/Victoria/4897/2022) from the 5a.2a.1 subclade recognized 5a.2a and 5a.2a.1 viruses well. Post-vaccination GMTs were not reduced significantly for the most recently circulating A(H1N1)pdm09 viruses when compared to the responses to cell culture-propagated A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-like vaccine reference viruses.

The vast majority of A(H3N2) viruses collected since September 2023 have HA genes derived from subclade 2a.3a.1 (represented by A/Massachusetts/18/2022 and A/Thailand/8/2022) and have continued to diversify. Some recently circulating viruses showed reduced recognition by post-infection ferret antisera raised against NH 2023-2024 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 some genetic subgroups of 2a.3a.1 were significantly reduced in selected serum panels compared to titres against cell culture-propagated A/Darwin/6/2021-like vaccine reference viruses.

All circulating influenza B viruses characterized since September 2023 were of the B/Victoria lineage. The vast majority of recent viruses expressed HA genes belonging to subclade 3a.2 (i.e., 1A.3a.2). A few viruses belonging to clade 3a.1 were detected in China. Nearly all circulating viruses were recognized well by post-infection ferret antisera raised against cell culture- and egg-propagated B/Austria/1359417/2021-like vaccine reference 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 cell culture-propagated B/Austria/1359417/2021-like vaccine reference viruses.

WHO convenes technical consultations¹ each year to recommend viruses for inclusion in influenza vaccine.² National or regional authorities are responsible for approving the composition and formulation of vaccines used in each country.

There have been no confirmed naturally occurring B/Yamagata lineage virus detections after March 2020. Further to the WHO September 2023 recommendation,⁶ it remains the opinion of the WHO influenza vaccine composition advisory committee that the B/Yamagata lineage antigen should be excluded from influenza vaccines as it is no longer warranted. National or regional authorities should make decisions regarding the transition to trivalent influenza vaccines in their jurisdictions.

Lists of prototype viruses for egg-propagated, cell culture-propagated and recombinant-based vaccines

antisérum de furets postinfection dirigés contre les virus vaccinaux A(H1N1)pdm09 recommandés pour les saisons grippales 2023-2024 dans l'hémisphère Nord et 2024 dans l'hémisphère Sud (A/Wisconsin/67/2022 propagés en culture cellulaire et A/Victoria/4897/2022 propagés sur œufs) préparés à partir du sous-clade 5a.2a.1 ont bien reconnu les virus 5a.2a et 5a.2a.1. La MGT postvaccination n'était pas significativement réduite avec les virus A(H1N1)pdm09 circulants les plus récents par rapport aux réponses obtenues avec les virus vaccinaux de référence de type A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09 propagés en culture cellulaire.

La grande majorité des virus A(H3N2) isolés depuis septembre 2023 possèdent des gènes HA dérivés du sous-clade 2a.3a.1 (représenté par A/Massachusetts/18/2022 et A/Thailand/8/2022) et continuent de se diversifier. Certains des virus récemment en circulation étaient moins 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 (2a), recommandés pour la saison grippale 2023-2024 dans l'hémisphère Nord. Dans les études sérologiques chez l'humain, la MGT postvaccination contre les virus A(H3N2) qui possédaient des gènes HA représentant certains sous-groupes génétiques 2a.3a.1 était significativement réduite dans les panels de sérums testés par rapport aux titres obtenus avec les virus vaccinaux de référence de type A/Darwin/6/2021 propagés en culture cellulaire.

Tous les virus grippaux B circulants caractérisés depuis septembre 2023 appartenaient à la lignée B/Victoria. La grande majorité des virus récents exprimaient des gènes HA appartenant au sous-clade 3a.2 (1A.3a.2). Quelques virus appartenant au clade 3a.1 ont été détectés en Chine. Presque tous les virus circulants étaient bien reconnus par des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux de référence de type B/Austria/1359417/2021 (3a.2) propagés en culture cellulaire et sur œufs. Les études sérologiques chez l'humain ont montré que la MGT postvaccination obtenue contre les virus représentatifs de la lignée B/Victoria exprimant les gènes HA du clade 3a.2 n'était pas significativement inférieure aux titres observés avec les virus vaccinaux de référence de type B/Austria/1359417/2021 propagés en culture cellulaire.

Chaque année, l'OMS organise des consultations techniques¹ en vue de formuler des recommandations sur les virus devant entrer dans la composition des vaccins antigrippaux.² Les autorités nationales ou régionales sont chargées d'approuver la composition et la formulation des vaccins qui seront administrés dans chaque pays.

Aucune détection confirmée de virus de la lignée B/Yamagata d'origine naturelle n'a été signalée depuis mars 2020. Conformément à la recommandation de l'OMS de septembre 2023,⁶ le comité consultatif de l'OMS sur la composition des vaccins antigrippaux reste d'avis qu'il faut exclure le composant viral B/Yamagata des vaccins antigrippaux, car son utilisation n'est plus justifiée. Les autorités nationales ou régionales devraient prendre une décision concernant la transition vers des vaccins antigrippaux trivalents dans leurs juridictions.

La liste des virus prototypes des vaccins préparés sur œufs, en culture cellulaire et recombinants, ainsi que des virus vaccinaux

⁶ See No. 43, 2023, pp. 521–533.

⁶ Voir le N° 43, 2023, pp. 521-533.

For trivalent vaccines for use in the 2024–2025 northern hemisphere influenza season, WHO recommends the following:

Egg-based vaccines

- an A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Thailand/8/2022 (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/Massachusetts/18/2022 (H3N2)-like virus; and
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

Where quadrivalent vaccines are still used, the B/Yamagata lineage component remains unchanged from previous recommendations:

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

Pour les vaccins trivalents destinés à être utilisés pendant la saison grippale 2024-2025 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/Thailand/8/2022 (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/Massachusetts/18/2022 (H3N2); et
- un virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria).

En cas d'utilisation de vaccins quadrivalents, la recommandation relative à la composante de la lignée B/Yamagata demeure inchangée:

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

together with candidate vaccine viruses (CVVs) suitable for use in human vaccine production are available on the WHO website.⁷ A list of reagents for vaccine standardization, including those for this recommendation, can also be found on the WHO website.

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

- (i) Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden, ACT, 2606, Australia (email: influenza.reagents@health.gov.au; website: <http://www.tga.gov.au>);
- (ii) Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (email: enquiries@nibsc.org; website: http://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource.aspx);

candidats se prêtant à la production de vaccins humains, est disponible sur le site Web de l'OMS.⁷ 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 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) Therapeutic Goods Administration, P.O. Box 100, Woden ACT, 2606 Australie (courriel: influenza.reagents@health.gov.au; site Web: <http://www.tga.gov.au>);
- ii) Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, Royaume-Uni (courriel: enquiries@nibsc.org; site Web: http://www.nibsc.org/science_and_research/virology/influenza_resource.aspx);

⁷ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

⁷ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/candidate-vaccine-viruses>

- (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, United States of America (email: cbershippingrequests@fda.hhs.gov);
- (iv) Research Centre for Influenza and Respiratory Viruses, 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 (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: 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 of Great Britain and Northern Ireland (Tel: +44 203 796 1520 or +44 203 796 2444, email: whocc@crick.ac.uk, website: <http://www.crick.ac.uk/research/worldwideinfluenza-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, email: fluchina@ivdc.chinacdc.cn, website: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

WHO provides fortnightly updates⁸ of global influenza activity. Other information about influenza surveillance can be found on the WHO Global Influenza Programme website.⁹

Acknowledgements

The WHO recommendation on vaccine composition is based on the year-round work of the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS). We thank the National Influenza Centres of GISRS, and non-GISRS laboratories including the WOAH/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU), who contributed information, clinical specimens, viruses and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for

- 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, États-Unis (courriel: cbershippingrequests@fda.hhs.gov);
- iv) Research Centre for Influenza and Respiratory Viruses, National Institute of Infectious Diseases, 4-7-1 Gakuen, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (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 (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 (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 (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, Londres NW1 1AT, Royaume-Uni (tél.: +44 2037 961 520 ou +44 2037 962 444; courriel: whocc@crick.ac.uk; site Web: <http://www.crick.ac.uk/research/worldwideinfluenza-centre>);
- v) Centre collaborateur OMS de référence et de recherche pour la grippe, Institut national de lutte contre les maladies virales, CDC Chine, 155 route de Changbai, district de Changping, 102206, Beijing, Chine (tél.: +86 10 5890 0851; courriel: fluchina@ivdc.chinacdc.cn; site Web: <https://ivdc.chinacdc.cn/cnic/en/>).

L'OMS actualise les informations sur l'activité grippale dans le monde toutes les 2 semaines.⁸ 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.⁹

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

⁸ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>

⁹ See <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

⁸ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>

⁹ Voir <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme>

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 GISAID Global Data Science Initiative 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. ■

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. Enfin, nous tenons à remercier l'Initiative mondiale d'échange de données sur la grippe (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; 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

Please subscribe at <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>
Content management & production • wantz@who.int or werreh@who.int

www.who.int/wer

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

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