

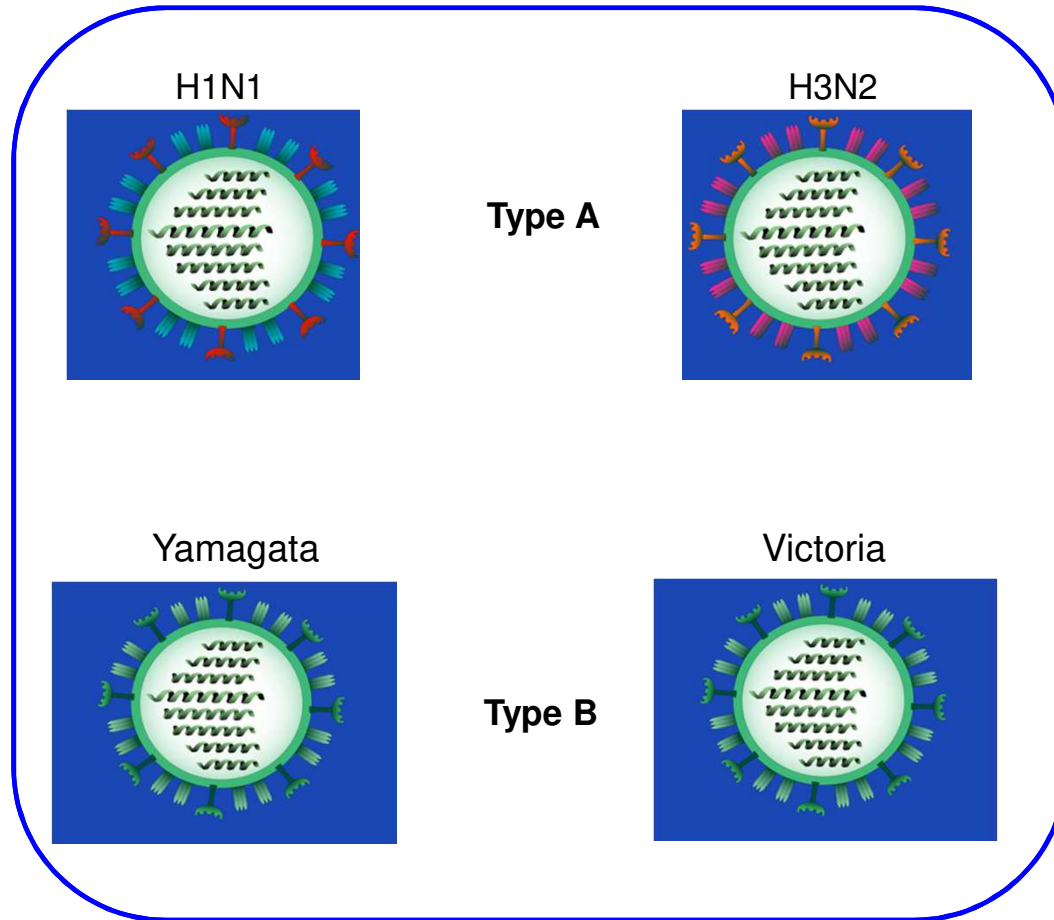


Partage des données du CNR grippe au niveau national et international

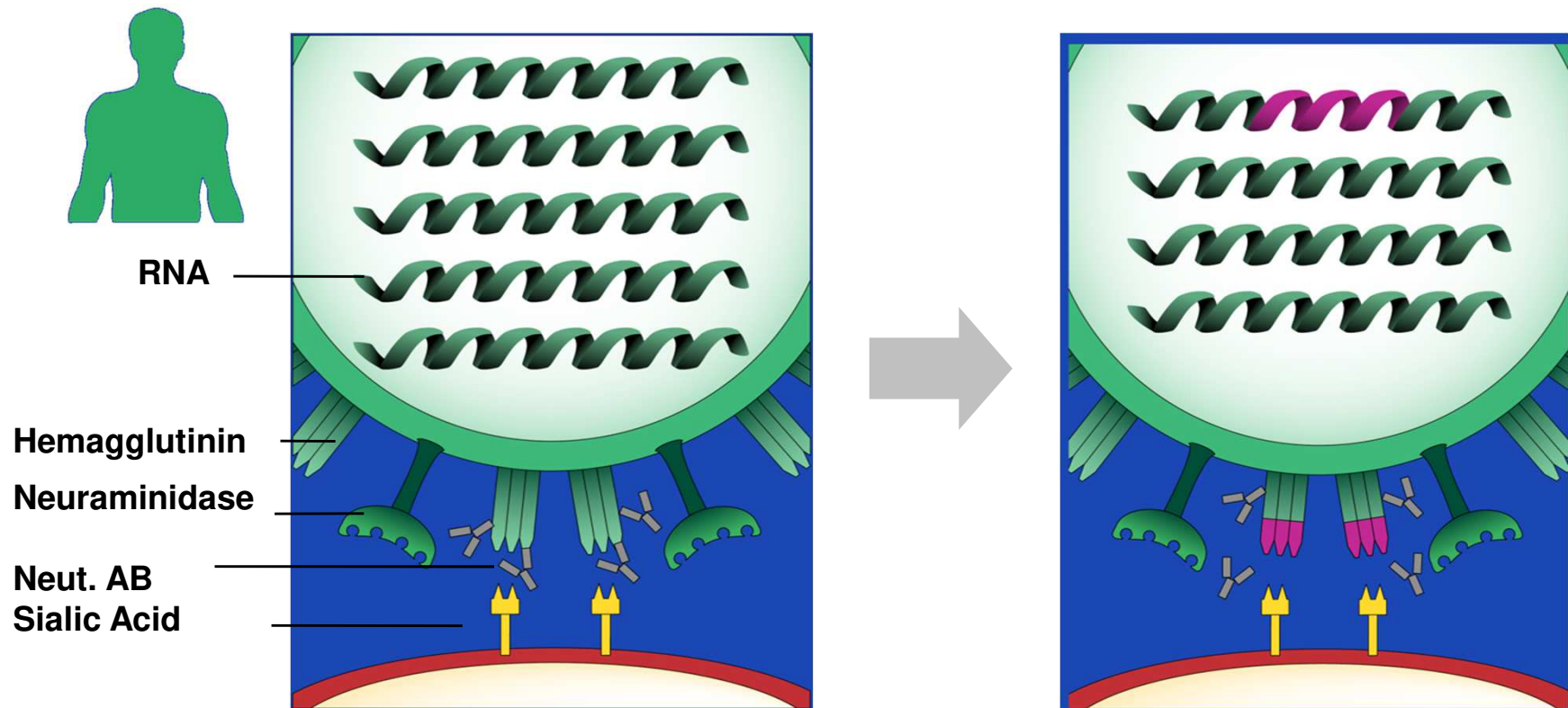
Bruno LINA

CNR des virus respiratoires, HCL,
Virpath, CIRI, U1111, UMR 5308, ENS, UCBL,
Lyon, France

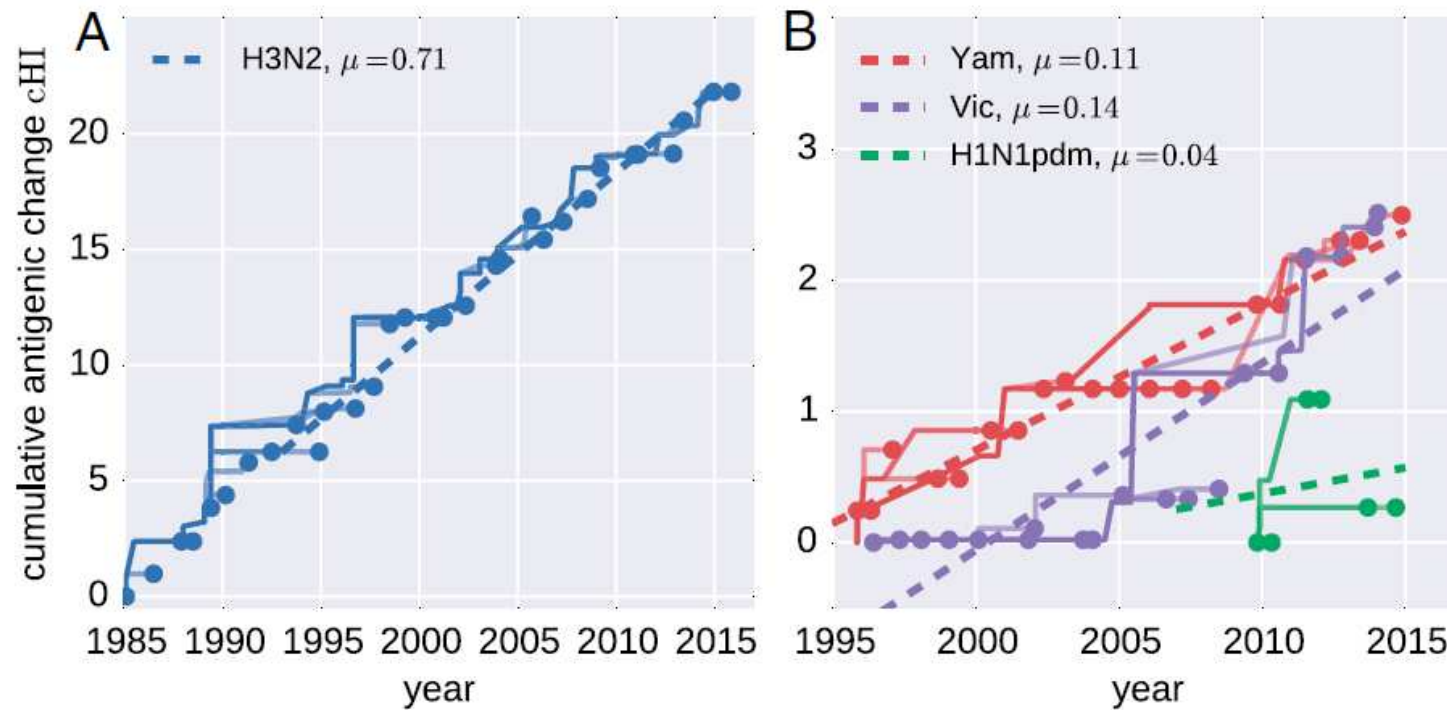
La surveillance de la grippe : les types, sous-types & lignages surveillés



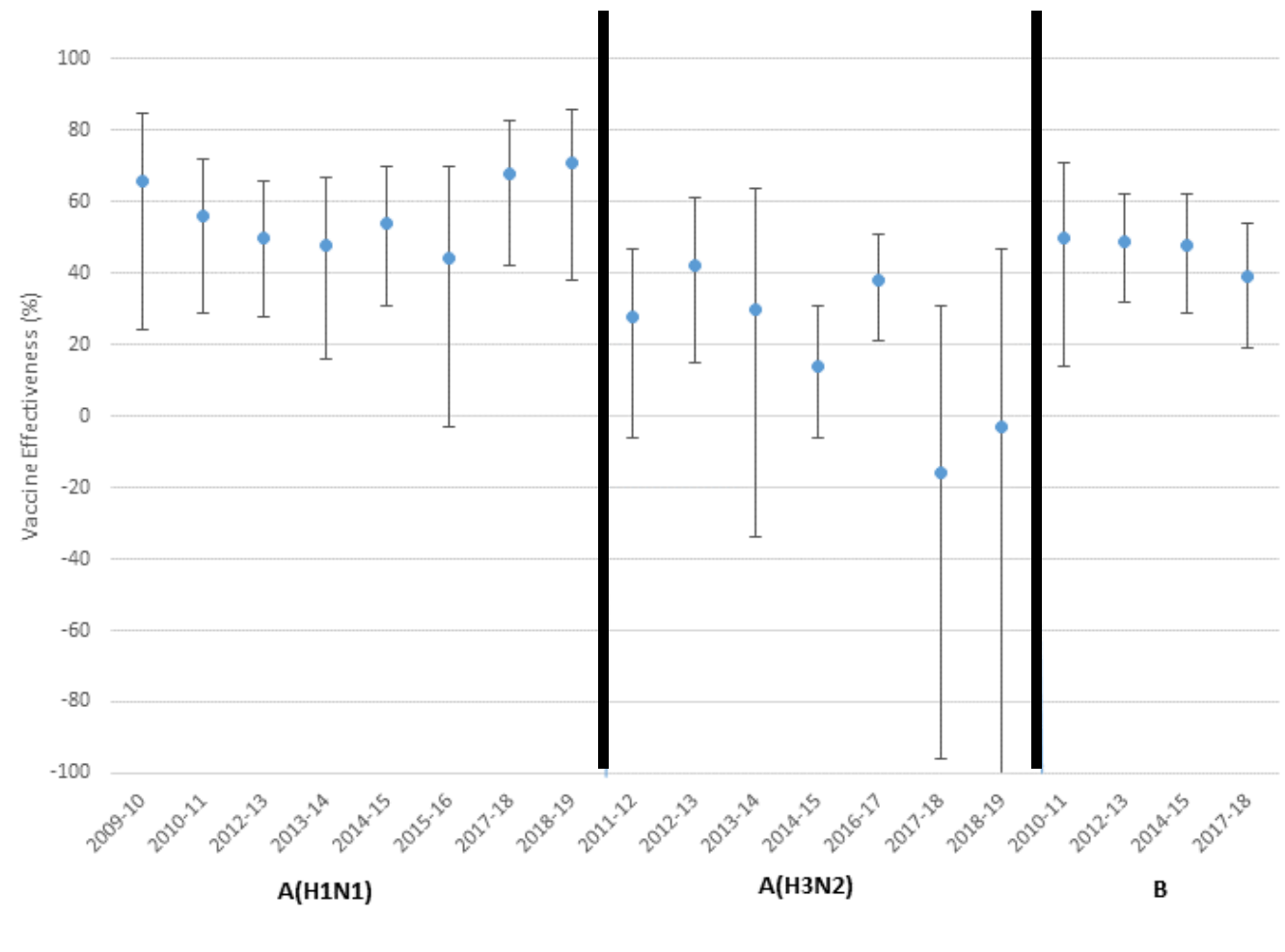
Les variations antigéniques sont permanentes



La rapidité de cette variation est différentes en fonction du type et du sous-type

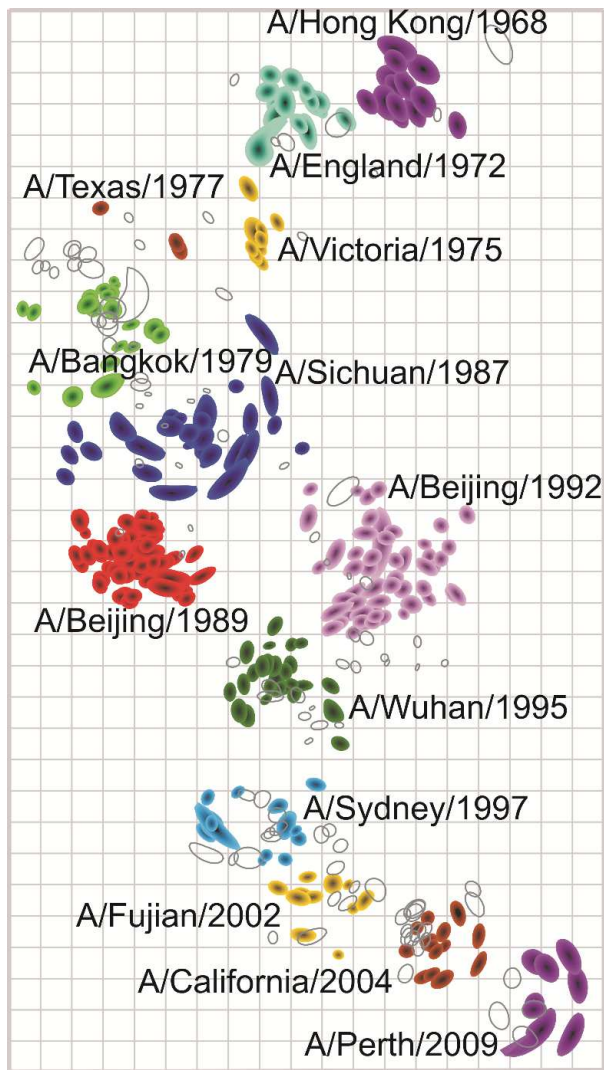


Et surtout elles impactent l'efficacité vaccinale



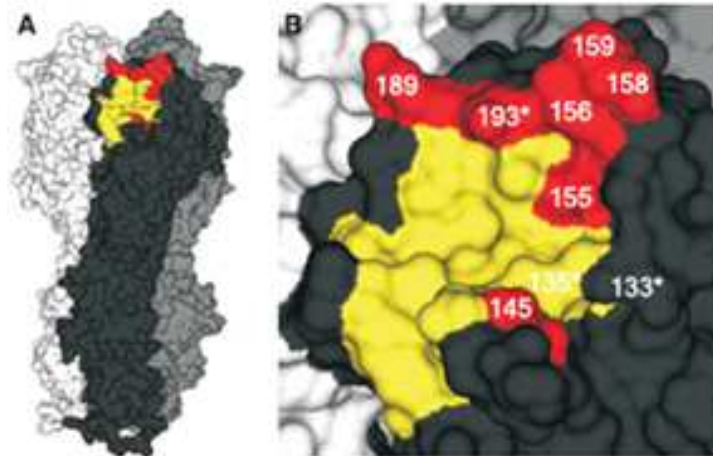
Données I-move

La surveillance et le suivi se fait aussi par cartographie antigénique



La cartographie analyse les différences antigéniques et estime les distances antigéniques entre les virus détectés lors de la surveillance internationale.

Le séquençage permet de détecter rapidement les variants antigéniques d'intérêt.



Données R Fouchier, NL

Circuit des données


- Détection d'un virus (plusieurs milliers en France rapportés au CNR)
- Sélection des virus « d'intérêt »
- Sélection de virus du bruit de fond (tout type, sous-type, lignage)
- Séquençage génome entier à partir des échantillons sélectionnés (783 sequences pour la saison 2018-2019)
- *Upload* dans la base de données internationale GISAID – GISRS – TESSY
- Epiflu data fait la « data curation », et les WHOcc qui ont un accès ouvert sur les séquences du réseau GISRS peut en faire une seconde
- Intégration des données pour le WHO *Vaccine Composition Meeting* (Fev et Sept)

GISAID batch upload facility

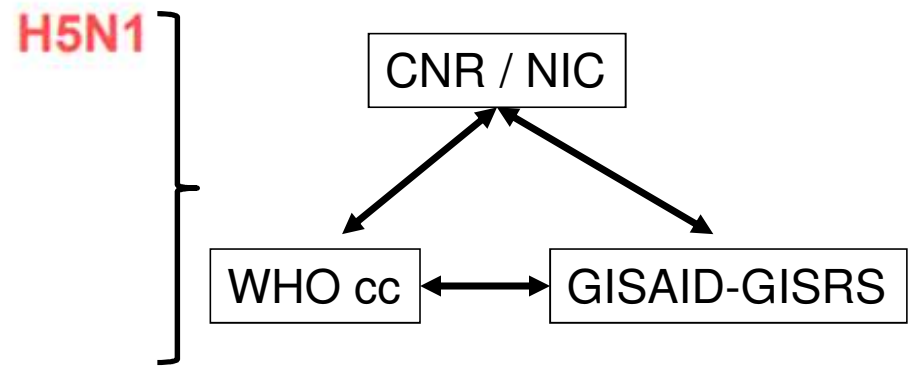
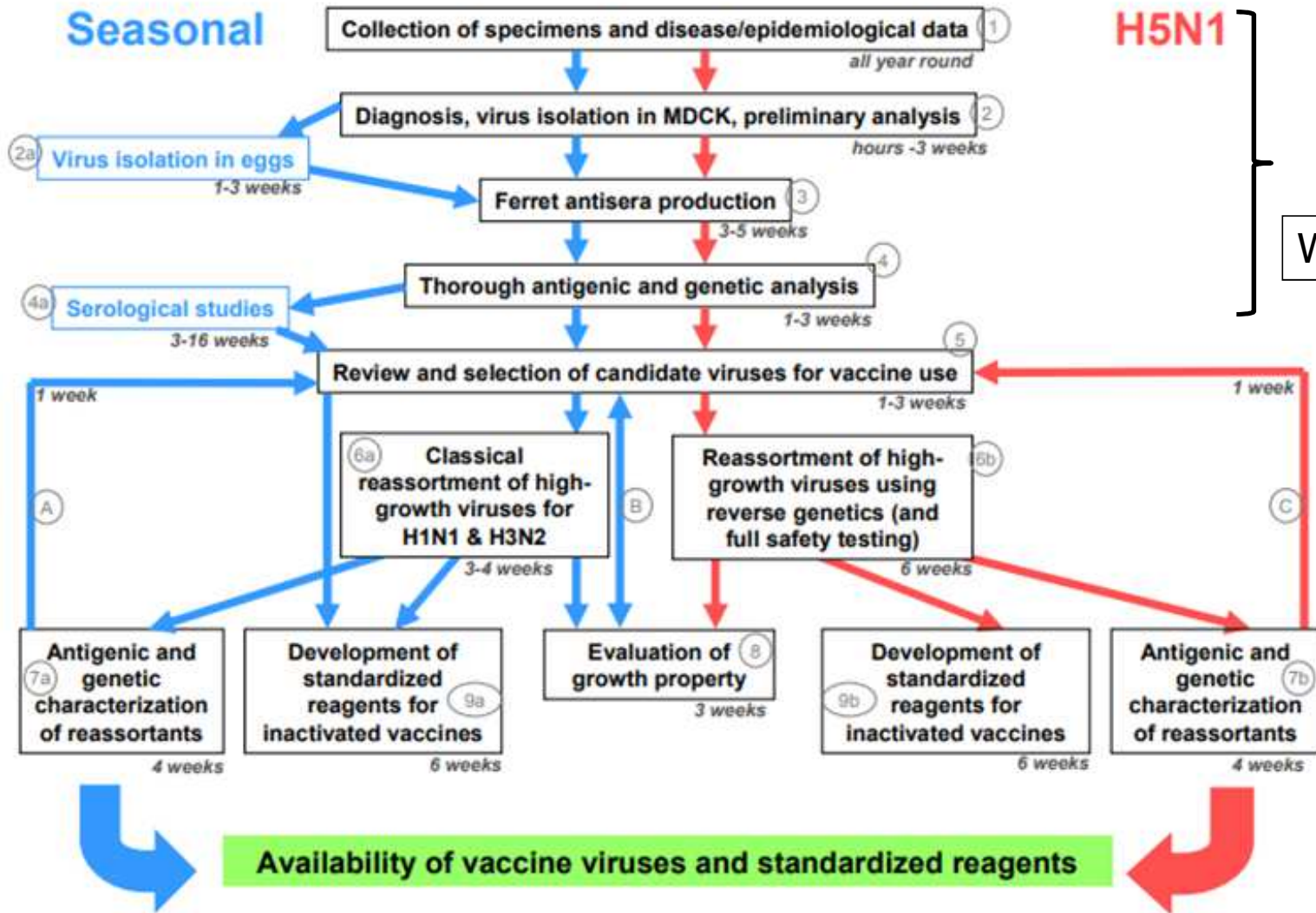
- GISAID epiflu Uploader: the communication tool

Isolate_Id	Segment_Ids	Isolate_Name	Subtype	Lineage	Passage_History	Location_province	Location_sub_province	Location_national_info	Host	Host_Additional_info	Seq_Id (HA)	Seq_Id (NA)	Seq_Id (PB1)	Seq_Id (PB2)	Seq_Id (PA)	Seq_Id (MP)	Seq_Id (NS)	Seq_Id (NP)	Seq_Id (HE)	Seq_Id (P3)	

Submitting_Sample_Id	Author	Originating_Lab_Id	Originating_Sample_Id	Collection_Month	Collection_Year	Collection_Date	Antigen_Characterization	Adamant	Osetami	Zanamivi	Peramivi	Other	Adamant	Osetami	Zanamivi	Peramivi	Other	Host_Age_Unit	Host_Age_nder	Health_Status	Note	PMID	

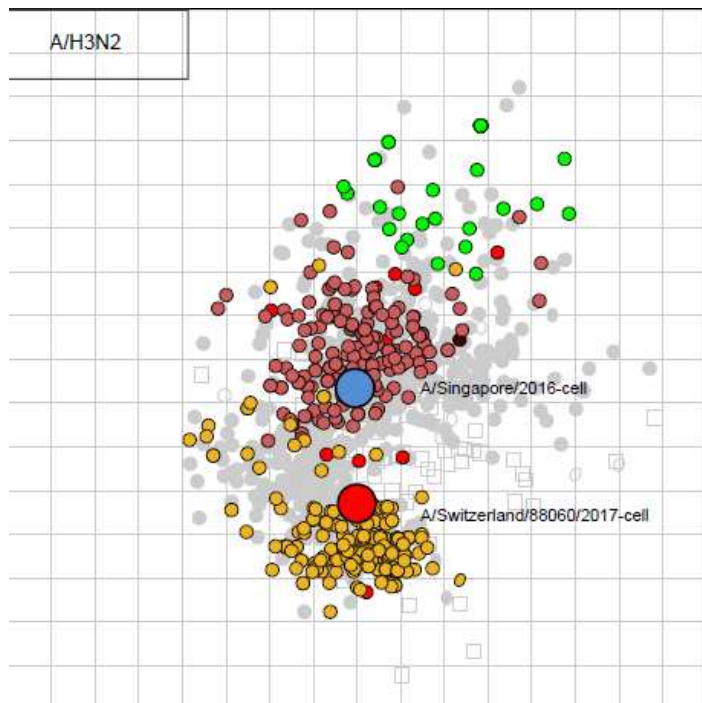
 Mandatory fields for each specimen uploaded

Process of influenza vaccine virus selection and development



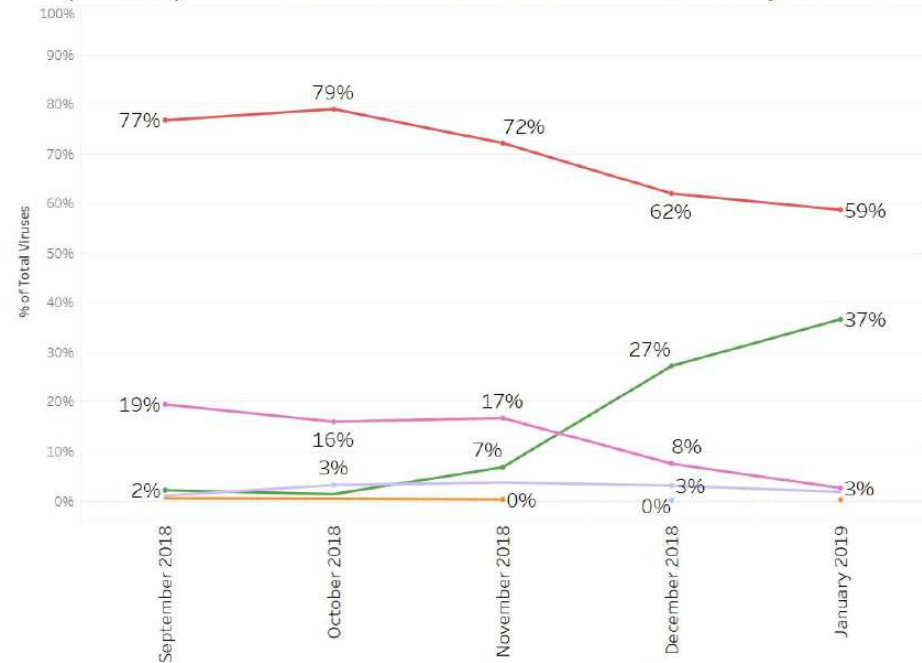
A(H3N2)
Dec 2017 – Aout 2019

Antigenic cartography and clade proportion 2018-19

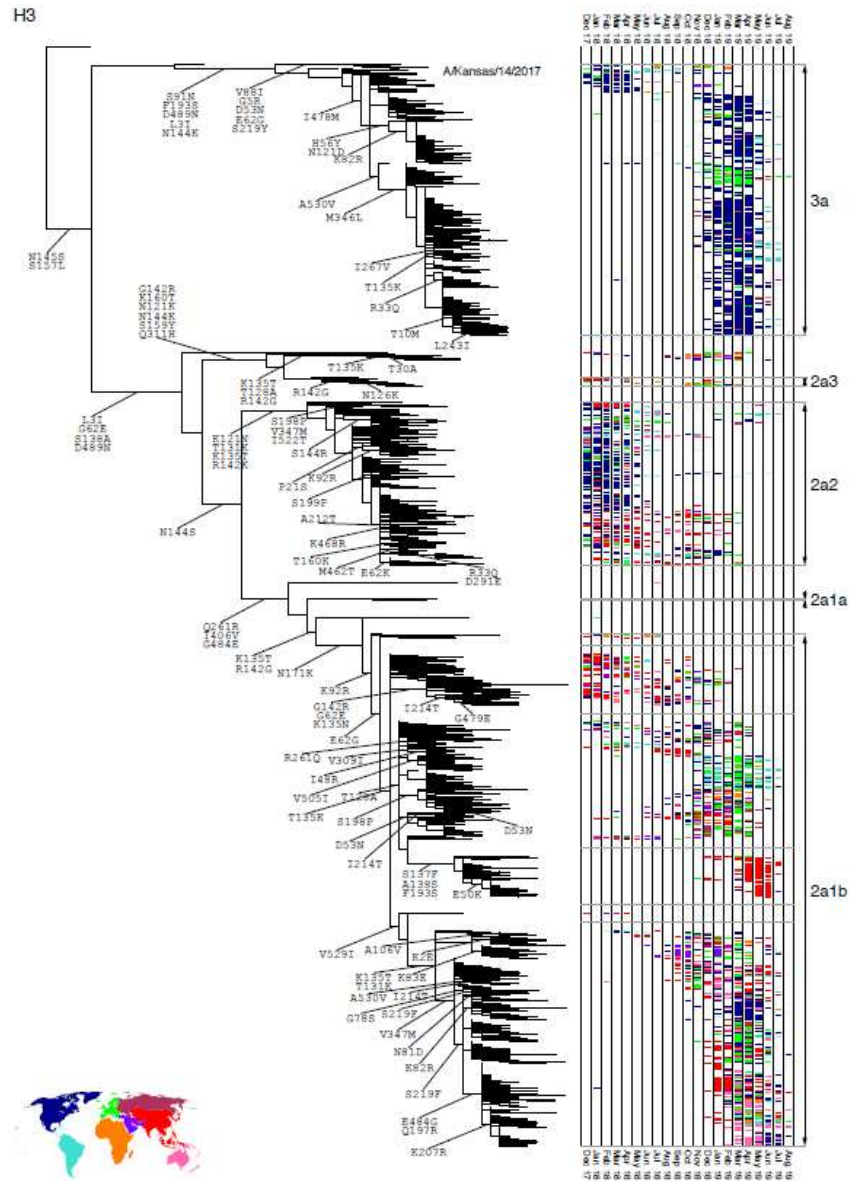


Antigenic cartography from Prof. Derek Smith and Dr Sarah James, Univ. Cambridge

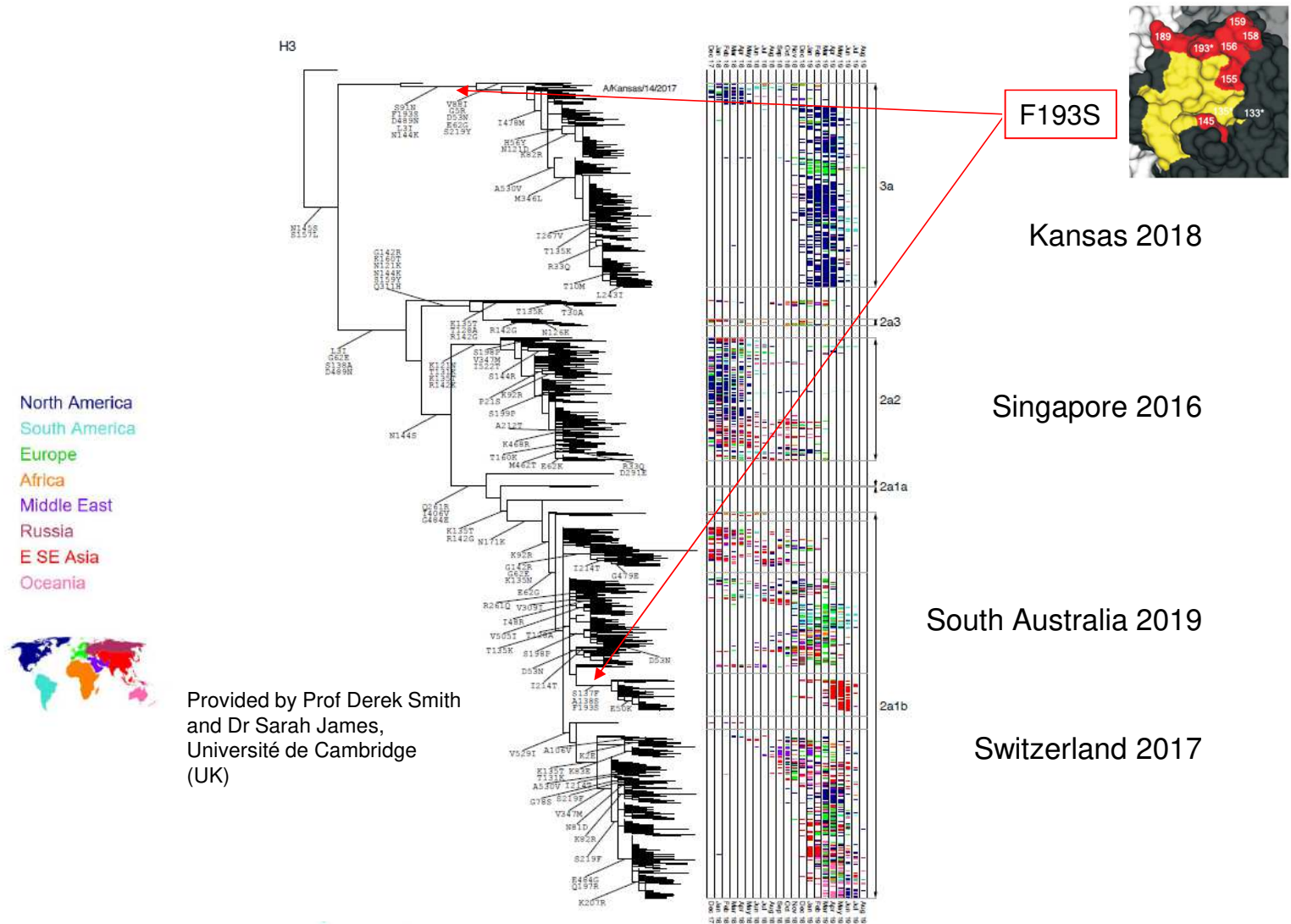
A(H3N2) clades based on available HA sequences



Données préparées par DJ Smith
 Base GISRS-GISAID pour VCM sept 2019
 (University of Cambridge, UK)
 Données H3N2 Dec18 – Aout 19

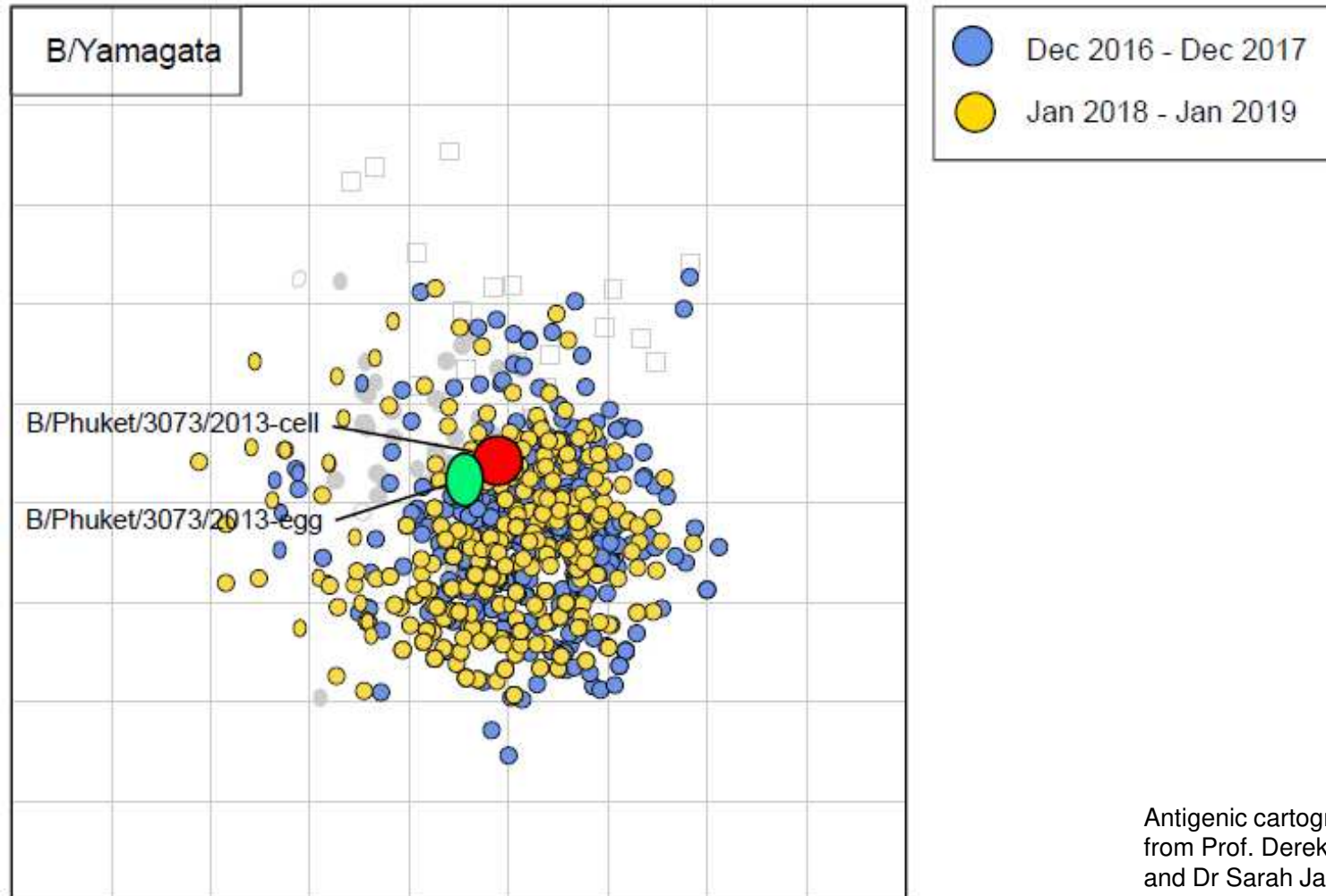


Evolution des clades génétiques et candidats vaccins 2020 (HS)

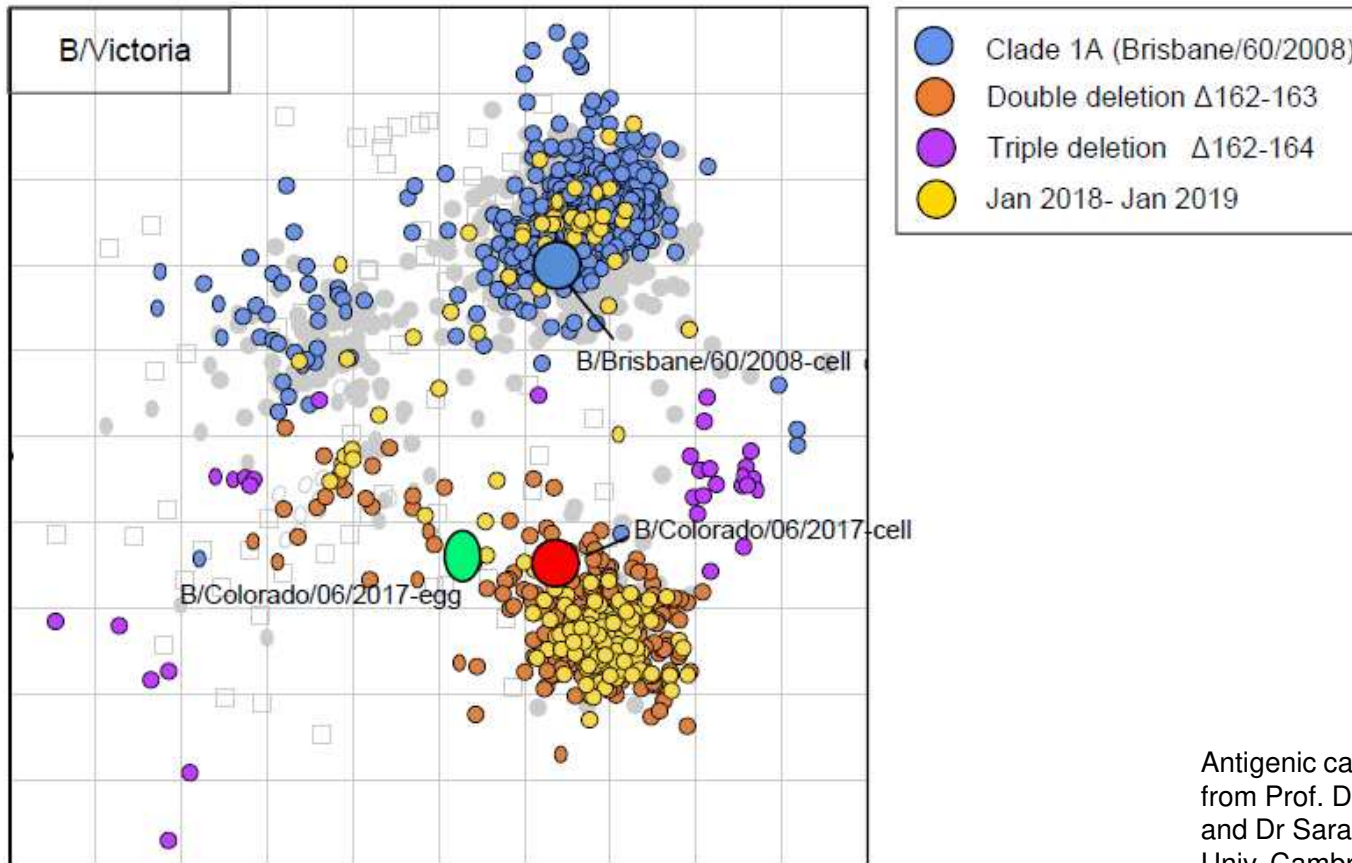


Virus Influenza B

Septembre 2017 – Février 2018

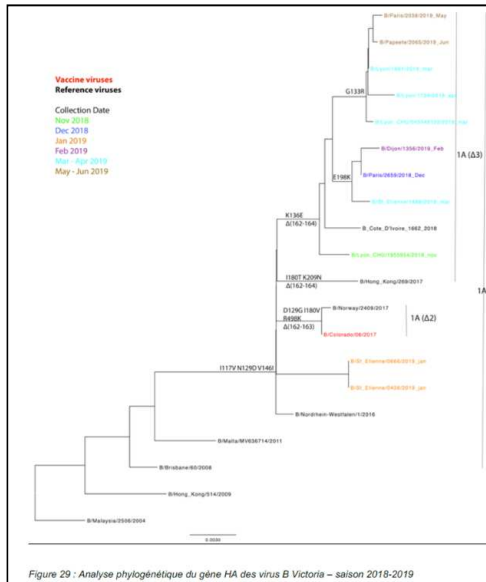


Antigenic cartography
from Prof. Derek Smith
and Dr Sarah James,
Univ. Cambridge



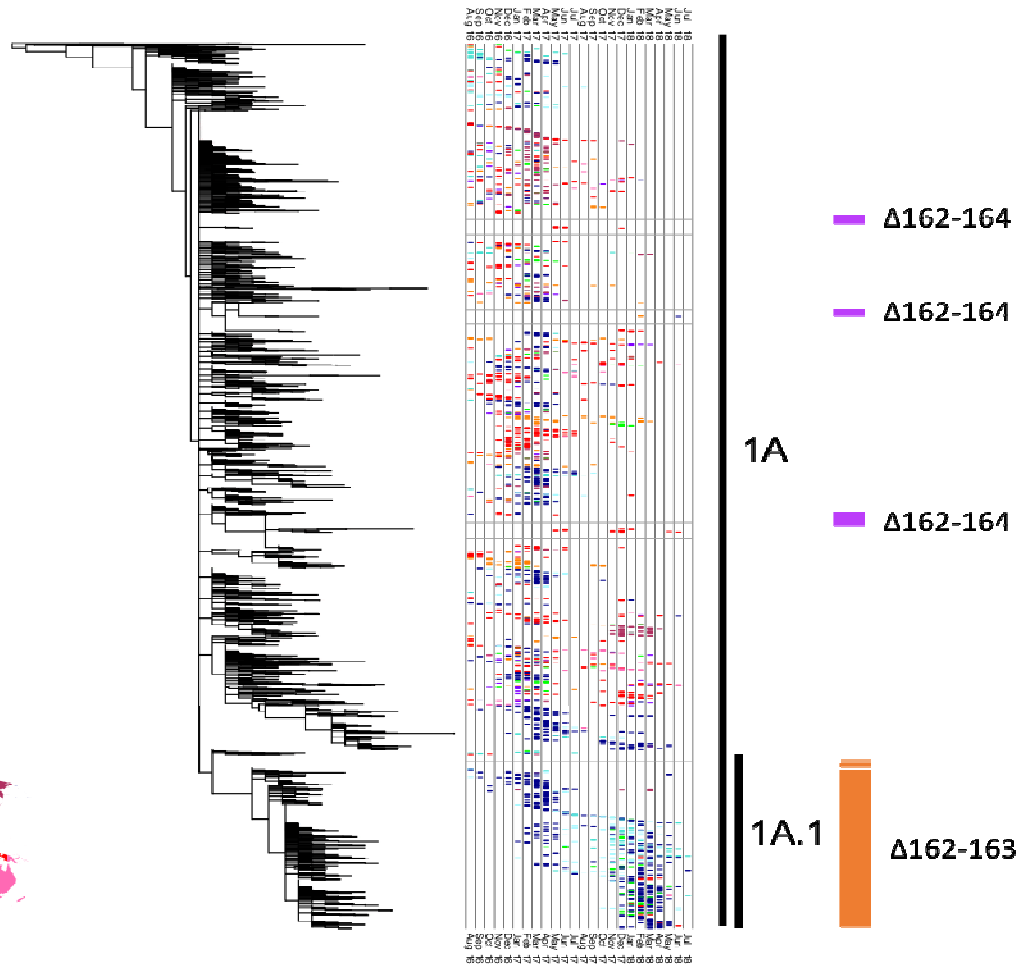
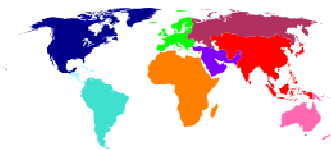
Antigenic cartography
from Prof. Derek Smith
and Dr Sarah James,
Univ. Cambridge

B/Victoria phylogenetic tree (émergence des variants à 2 ou 3 délétions)



Données CNR

- North America
- South America
- Europe
- Africa
- Middle East
- Russia
- E SE Asia
- Oceania



Données Prof Derek Smith et Dr Sarah James, Université de Cambridge (UK)

Conclusion

- Tous les CNR/NIC alimentent la base de donnée GISAID en lien avec le réseau GISRS. Actuellement, il y a 1 243 859 sequences issues de plus de 300 000 virus humains et 60 000 virus aviaires
- Les accès sont immédiats et la ressource disponible pour tous (sauf notification) – full open access
- Ce partage de données permet un suivi en temps réel des séquences reflétant la circulation des différents virus, et est devenue indispensable pour le Influenza Vaccine Composition Meetings



Remerciements

- CNR & VIRPATH-CIRI :
 - Vanessa Escuret
 - Jean Sebastien Casalegno
 - Laurence Josset
 - Martine Valette



Hôpitaux de Lyon

- CNR Institut Pasteur
 - Sylvie Behillil
 - Vincent Enouf
 - Sylvie Van der Werf



INSTITUT PASTEUR

- WHOcc in London (The Crick Institute)
 - John McCauley
 - Rod Daniels



Données France

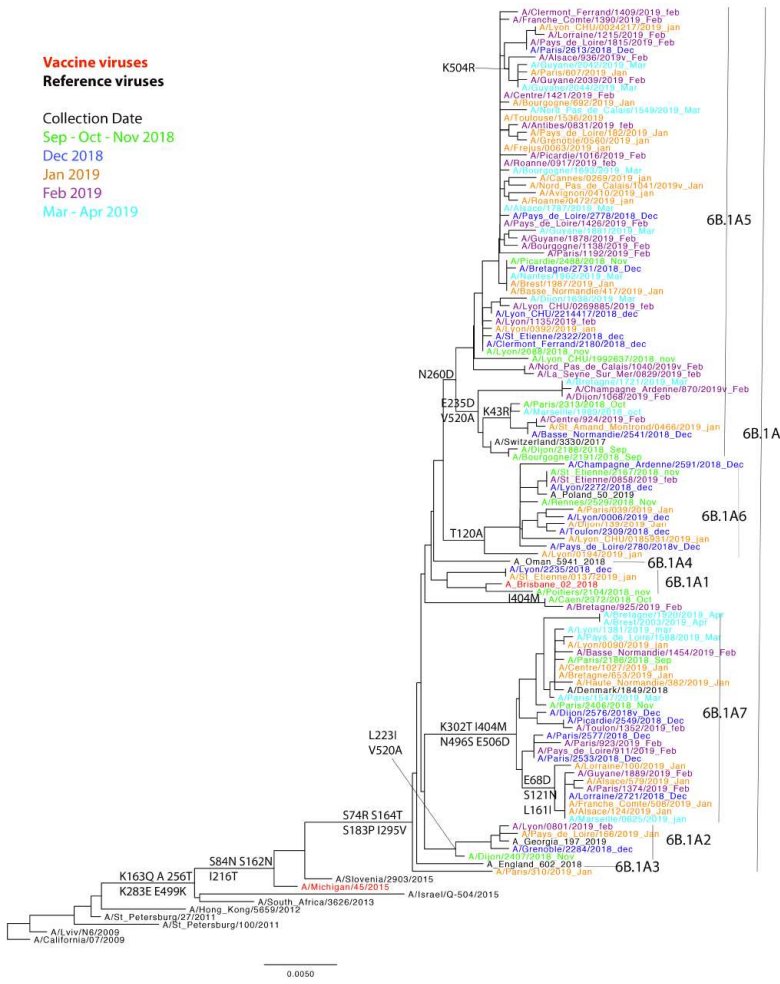


Figure 21 : Analyse phylogénétique du gène HA des virus A(H1N1)pdm09 – saison 2018-2019

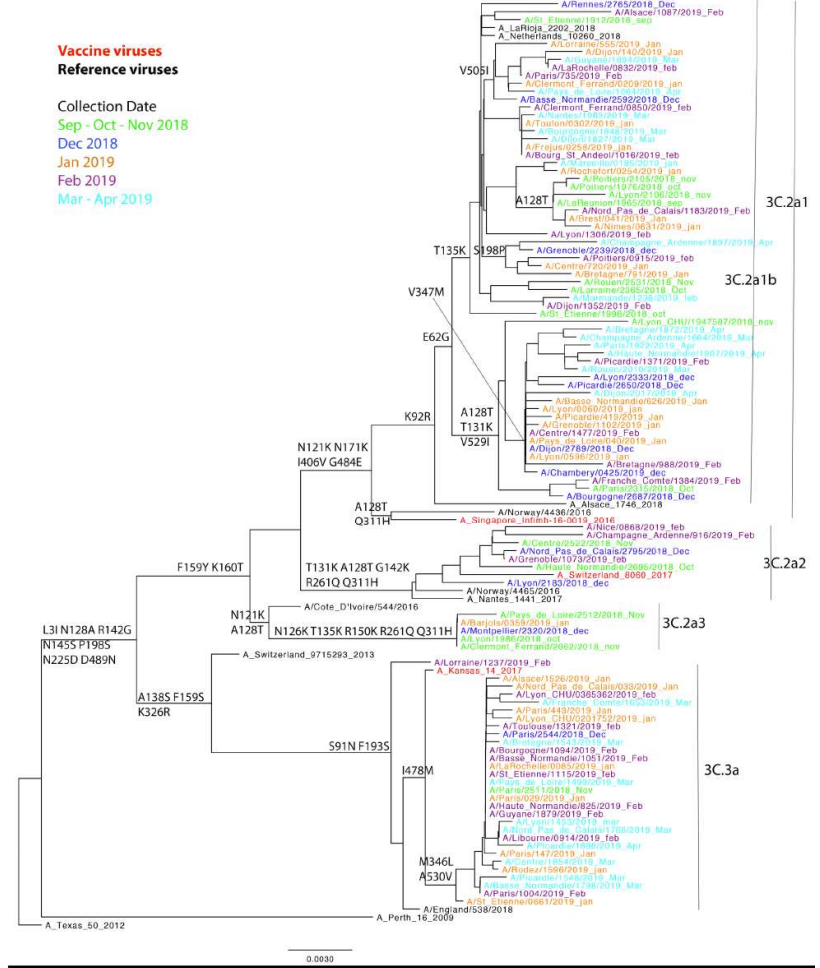


Figure 25 : Analyse phylogénétique du gène HA des virus A(H3N2) – saison 2018-2019