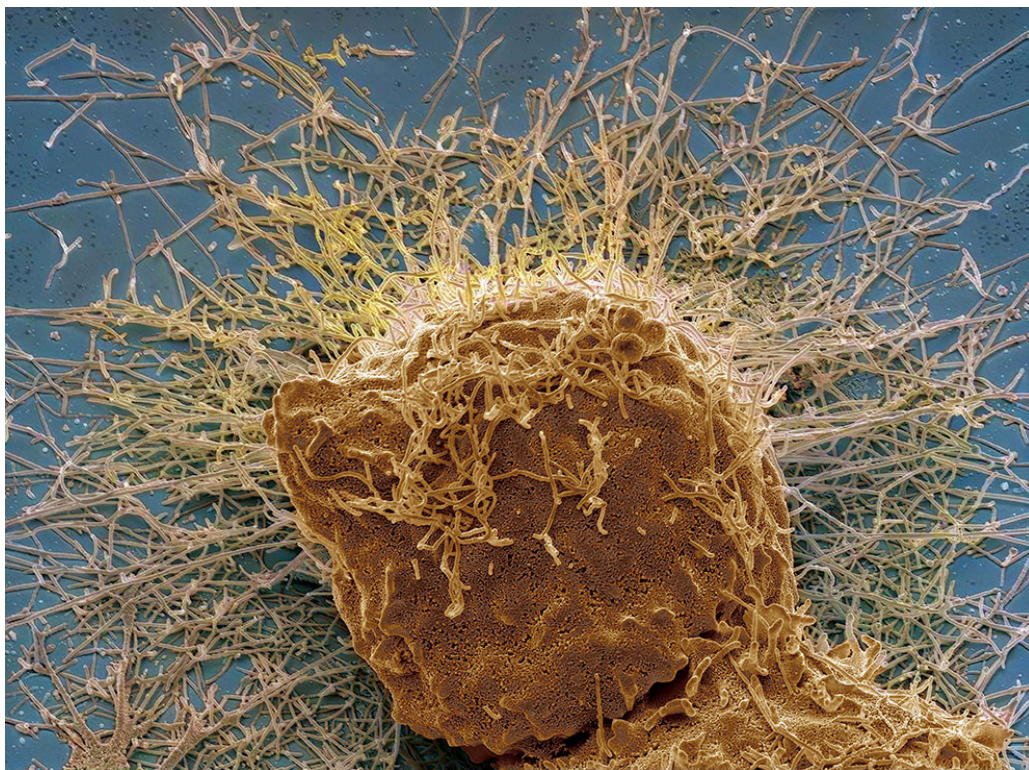

Kopling av antigener fra flere influensavarianter

FRA ANDRE TIDSSKRIFTER

HAAKON B. BENESTAD

Universitetet i Oslo

**Nytt design av influensavaksiner kan gi bedre effekt mot
ulike varianter av influensaviruset.**



Farget bilde fra skanningelektronmikroskopi (SEM) av en menneskecelle infisert med influensavirus (H₃N₂). Illustrasjon: Science Photo Library / NTB

Influensavirusets genom består av åtte RNA-framenter. Ett koder for overflatekomponenten hemagglutinin (H), som er viktig for virusinvasjon av en vertscelle, og et annet for nevraminidasekomponenten (N) i virusoverflaten, som er viktig for virusutgangen fra en infisert celle. Med alle H- og N-varianter er det tallrike subtyper av influensaviruset, men de fleste av dem finnes i dag

kun i fugler. Det er bare H1N1- og H3N2-variantene som finnes hos mennesket. Hvert år sirkulerer mange slike varianter i befolkningen. Vaksinene som årlig utvikles mot disse, har ofte bare en begrenset beskyttende effekt. Dette skyldes at influensavirus muterer ofte, og det er vanskelig å forutsi hvilke H1N1- og H3N2-varianter som vil sirkulere i et gitt år. Den H1N1- eller H3N2-varianten vi først blir eksponert for, vil ofte dominere responsen mot de influensavariantene vi senere møter. Dette skyldes at immunsystemet har hukommelse for tidligere virus og reaktiverer denne hukommelsesresponsen heller enn å danne en helt ny immunrespons.

Har også genetiske faktorer hos mennesket betydning? Kan kovalent kopling av antigenene i en vaksine utvide immunresponsen mot influensa? Disse spørsmålene er forsøkt besvart i en ny studie [\(1\)](#).

– Studien viser klart at det er en sammenheng mellom nedbrytningspeptider fra influensavirus som presenteres av antigenpresenterende HLA klasse II-molekyler for immunceller, og hvilken influensavariant som gir best antistoffresponser, sier Gunnveig Grødeland, professor og leder for Senter for pandemi- og én-helseforskning ved Universitetet i Oslo.

– Genetiske forhold har med andre ord en klar påvirkning på hvilke influensavarianter vi danner best responser mot, uavhengig av hvilke influensavarianter vi har møtt tidligere, sier hun.

For å skape større bredde i variasjonen av H-peptider som kan presenteres av HLA klasse II-molekylet, ble H-antigener fra ulike influensavarianter koplet sammen kovalent. Da disse sammenkoblede H-proteinene ble tatt opp av immunceller, presenterte HLA-molekylene peptider fra flere eller alle influensavarianter som ble undersøkt.

– Forsøk i mus og humane tonsillekulturer viste at man dermed kan oppnå bredere antistoffdannelse mot flere influensaantigener uten tydelig preferanse for tidligere immunresponser mot influensa. Vi har med andre ord fått vite hvordan vi kan designe vaksiner i fremtiden slik at de vil gi enda bredere og bedre beskyttelse mot et så variabelt virus som influensaviruset, sier Grødeland.

REFERENCES

1. Mallajosyula V, Chakraborty S, Sola E et al. Coupling antigens from multiple subtypes of influenza can broaden antibody and T cell responses. *Science* 2024; 386: 1389–95. [PubMed][CrossRef]

Publisert: 4. april 2025. Tidsskr Nor Legeforen. DOI: 10.4045/tidsskr.25.0114
Opphavsrett: © Tidsskriftet 2026 Lastet ned fra tidsskriftet.no 21. februar 2026.