

Beskrivning hur fylogenetiska träd läses

Hemagglutinin är ett protein som finns på ytan av influensavirus och det är mot detta som de neutraliserande antikroppar som erhålls vid vaccination/infektion är riktade. Det fylogenetiska trädet illustrerar släktskapet mellan olika virusstammar. Det skapas genom att jämföra den genetiska koden (sekvensen) för olika stammars hemagglutinin: ju större skillnader i sekvens, desto mindre släktskap. För att få en uppfattning av hur stor skillnaden är mellan två stammar summeras alla vågräta linjer mellan stammarna. Den sammanlagda längden skall sedan jämföras med längdmåttet som finns under trädet. Skillnader i genetisk sekvens innebär dock inte nödvändigtvis att proteinet blir så pass förändrat att antikroppar inte längre kan neutralisera influensavirus. Därför genomförs även antigeniska analyser vid WHO CC (WHO Collaboration Centre) i Mill Hill, London, där man jämför hur väl antikroppar reagerar mot hemagglutininet på olika stammar. Detta ger en bättre indikation på t.ex. hur väl vaccinet kan skydda, även om dessa analyser är komplexa och resultaten svårtolkade.