



Contents

- 449 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness
- 463 Monthly report on dracunculiasis cases, January–August 2013

Sommaire

- 449 Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats en vue de la préparation à une pandémie
- 463 Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-août 2013

Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

September 2013

The development of representative candidate influenza vaccine viruses, coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for pandemic preparedness. Comparisons of the candidate vaccine viruses with respect to antigenicity and their relationship to newly emerging viruses are ongoing and will be reported periodically by WHO.

(1) Influenza A(H5N1)

Since their re-emergence in 2003, highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses have become enzootic in some countries and continue to cause outbreaks in poultry as well as sporadic human infections. The A(H5N1) viruses have diversified both genetically and antigenically leading to the need for multiple candidate vaccine viruses for pandemic preparedness purposes. This summary provides updates on the characterization of A(H5N1) viruses isolated from birds and humans, and the current status of the development of influenza A(H5N1) candidate vaccine viruses.

Influenza A(H5N1) activity: 19 February – 23 September 2013

A(H5N1) viruses have been detected in birds in Africa and Asia. Human infections have been reported to the WHO by Cambodia, Egypt, Indonesia, and Viet Nam, countries in which infections have been detected in birds (*Table 1*).

Antigenic and genetic characteristics of A(H5N1) viruses

The nomenclature for phylogenetic relationships among the haemagglutinin (HA) genes of A(H5N1) viruses is defined in

Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats en vue de la préparation à une pandémie

Septembre 2013

La mise au point de virus vaccinaux candidats représentatifs, coordonnée par l'OMS, reste une composante essentielle de la stratégie générale mondiale de préparation à une pandémie grippale. Les comparaisons entre virus vaccinaux candidats sous l'angle de l'antigénicité et de la parenté avec les nouveaux virus émergents se poursuivent et l'OMS en rendra compte périodiquement.

(1) Grippe A(H5N1)

Depuis leur réémergence en 2003, les virus de la grippe aviaire A(H5N1) hautement pathogène sont devenus enzootiques dans certains pays et continuent de provoquer des flambées chez les volailles et des infections sporadiques chez l'homme. Ces virus A(H5N1) se sont diversifiés sur les plans génétique et antigénique, d'où la nécessité de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats dans le cadre de la préparation à une pandémie. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H5N1) isolés chez des oiseaux et chez l'homme et sur l'état d'avancement actuel de la préparation des virus vaccinaux candidats A(H5N1).

Activité de la grippe A(H5N1): 19 février – 23 septembre 2013

Des virus A(H5N1) ont été détectés chez des oiseaux en Afrique et en Asie. Des infections humaines ont été notifiées à l'OMS par le Cambodge, l'Égypte, l'Indonésie et le Viet Nam, pays où l'on a également recensé des infections chez les oiseaux (*Tableau 1*).

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5N1)

La nomenclature des liens de parenté phylogénétique existant entre les gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

Annual subscription / Abonnement annuel
Sw. fr. / Fr. s. 346.–

10.2013
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

Table 1 **Recent influenza A(H5N1) activity reported to international agencies**
 Tableau 1 **Activité récente de la grippe A(H5N1) signalée aux agences internationales**

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host/source – Hôte/Source	Genetic clade – Clade génétique
Bangladesh	Poultry/environmental – Volaille/Environnemental	2.3.2.1
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille Human (10) ^a – Humain (10) ^a	1.1 1.1
China – Chine	Poultry/environmental – Volaille/Environnemental	2.3.2.1, 2.3.4.2, 7.2
Democratic People's Republic of Korea – République démocratique populaire de Corée	Poultry – Volaille	2.3.2.1
Egypt – Égypte	Poultry – Volaille Human (3) – Humain (3)	2.2.1 2.2.1
India – Inde	Poultry/wild birds – Volaille/oiseaux sauvages	2.3.2.1
Indonesia – Indonésie	Poultry/wild birds – Volaille/oiseaux sauvages Human (1) – Humain (1)	2.3.2.1 ^b 2.1.3.2
Nepal – Népal	Poultry/wild birds – Volaille/oiseaux sauvages	2.3.2.1
Viet Nam	Poultry/wild birds – Volaille/oiseaux sauvages Human (2) – Humain (2)	1.1/2.3.2.1/7.2 1.1

^a Numbers in parentheses denotes number of human cases with illness onset dates falling within reporting period. – Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de cas humains notifiés au cours de cette période.

^b Wild birds illegally imported into Europe from Indonesia were positive for A(H5N1) clade 2.3.2.1 virus. – Des oiseaux sauvages importés illégalement d'Indonésie vers l'Europe ont été testés positif au virus A (H5N1) de clade 2.3.2.1.

consultation with representatives of the WHO, the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions. The updated nomenclature report can be found on WHO web site.¹

Viruses circulating and characterized from 19 February to 23 September 2013 belonged to the following clades.

Clade 1.1 viruses were detected in poultry and humans in Cambodia and Viet Nam. Genetic characterization of the HA genes showed that these viruses were closely related to viruses detected previously in these countries (*Figure 1*). Some recent clade 1.1 viruses had reduced haemagglutination inhibition (HI) titres to post-infection ferret antisera raised against A/Viet Nam/1203/2004 and/or A/Cambodia/R0405050/2007 from which candidate vaccine viruses have been produced. Conversely, these viruses reacted well with post-infection ferret antisera raised against recent viruses isolated in Cambodia (*Table 2*). A new A/Cambodia/W0526301/2012-like candidate vaccine virus is proposed.

Clade 2.1.3.2 viruses continue to circulate in Indonesia. The HA gene sequence of a 2013 human virus was very similar to that of the candidate vaccine virus A/Indonesia/NIHRD11771/2011. No antigenic information is available.

Clade 2.2.1 viruses, similar to clade 2.2.1 viruses detected in previous years, were detected in poultry and

A(H5N1) est définie en consultation avec des représentants de l'OMS, de l'Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO), de l'Organisation mondiale de la Santé animale (OIE) et d'établissements d'enseignement supérieur. Le rapport portant sur l'actualisation de cette nomenclature est consultable sur le site Web de l'OMS.¹

Les virus circulants et caractérisés entre le 19 février et le 23 septembre 2013 appartenaient aux clades suivants.

Clade 1.1 Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles et des êtres humains au Cambodge et au Viet Nam. La caractérisation des gènes de l'hémagglutinine (HA) a montré que ces virus étaient étroitement apparentés à des virus précédemment détectés dans ces pays (*Figure 1*). Certains virus récents du clade 1.1 donnaient des titres d'inhibition de l'hémagglutination (IH) réduits en présence d'immunsérums de furet postinfection, obtenus après inoculation des virus A/Viet Nam/1203/2004 et/ou A/Cambodia/R0405050/2007 à partir desquels les virus vaccinaux candidats avaient été préparés. Un nouveau virus vaccinal candidat, analogue du virus A/Cambodia/W0526301/2012 (*Tableau 2*) est proposé.

Clade 2.1.3.2 Des virus de ce clade continuent de circuler en Indonésie. La séquence de gènes de l'hémagglutinine HA d'un virus humain de 2013 était très similaire à celle du virus vaccinal candidat /Indonesie/NIHRD11771/2011. Aucune information sur le plan antigénique n'est disponible.

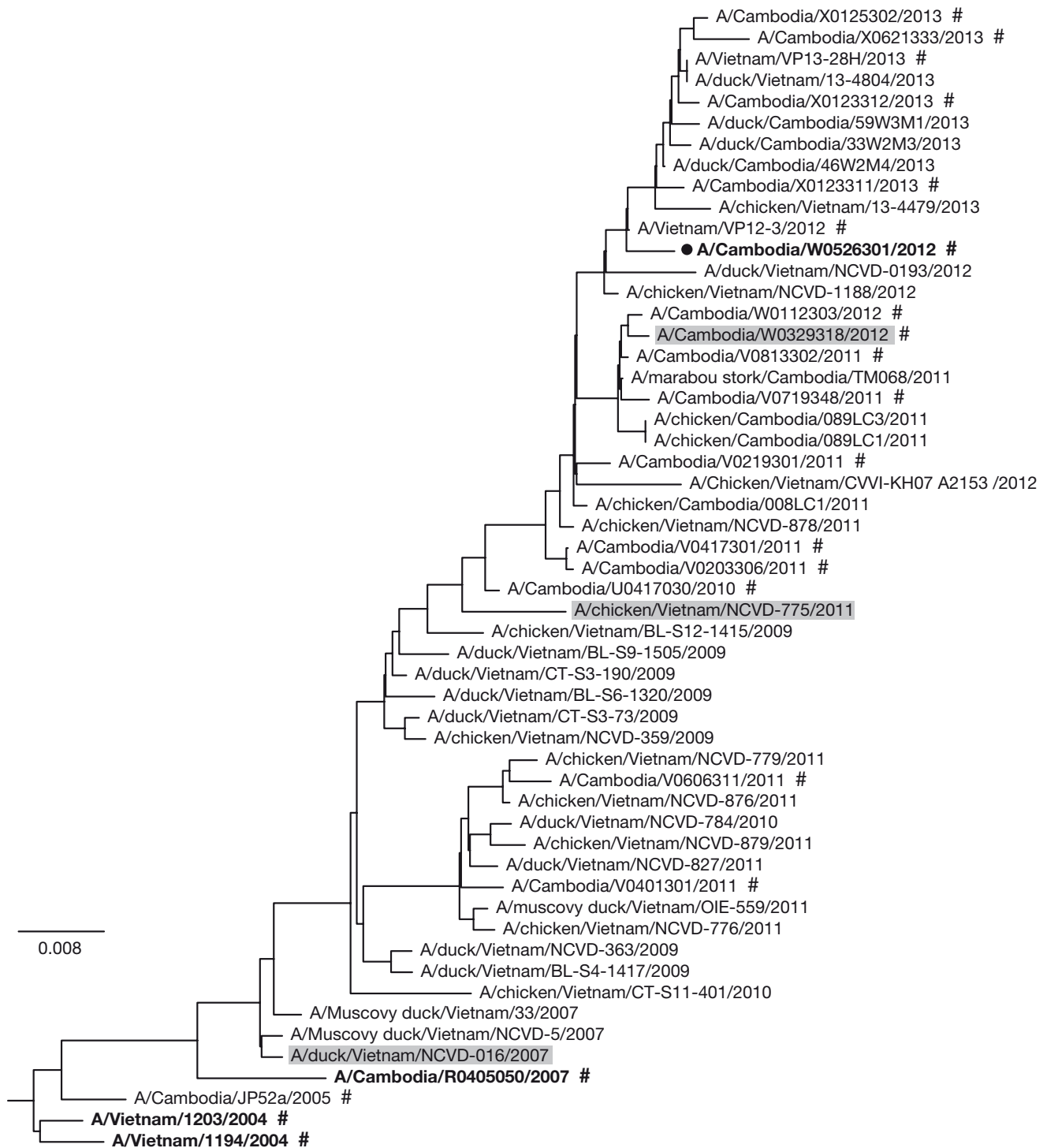
Clade 2.2.1 Des virus de ce clade, similaires à ceux du même clade détectés les années précédentes, ont été mis en évidence

¹ Updated unified nomenclature system for the highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses. Geneva, World Health Organization, 2011 (http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/h5n1_nomenclature/en/, accessed September 2013).

¹ Updated unified nomenclature system for the highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses. Genève, Organisation mondiale de la Santé, 2011 (http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/h5n1_nomenclature/en/, consulté en septembre 2013).

Figure 1 **Phylogenetic relationships of A(H5N1) clade 1.1 virus haemagglutinin genes**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 1.1**



The available candidate vaccine viruses are indicated in **bold** and the HI reference viruses are **highlighted in grey**. The proposed vaccine candidate is indicated (●) as well as human viruses (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont indiqués en caractères **gras** et les virus de référence pour l'épreuve d'IH sont **surlignés en gris**. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●) et les virus humains sont repérés par (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site.

Table 2 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5N1) clade 1.1 viruses**
 Tableau 2 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 1.1**

Reference antigens – Antigènes de référence	VN/1203	CB/R0405050	CK/VN/775	CB/W0526301	CB/W0329318
A/Viet Nam/1203/2004	160	40	320	320	160
A/Cambodia/R0405050/2007	40	160	5	20	20
A/duck/Viet Nam/NCVD-016/2007	160	10	160	80	80
A/chicken/Viet Nam/NCVD-775/2011	160	40	320	320	160
A/Cambodia/W0526301/2012	80	20	160	320	80
A/Cambodia /W0329318/2012	160	40	160	80	160
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/Cambodia/X0123311/2013	40	40	160	320	40
A/Cambodia/X0123312/2013	160	160	320	2560	160
A/Cambodia/X0125302/2013	160	160	160	1280	160
A/duck/Cambodia/33W2M3/2013	40	20	40	160	20
A/duck/Cambodia/59W3M1/2013	80	40	80	640	80
A/Viet Nam/VP12-3/2012	160	40	320	640	80

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

humans in Egypt. These viruses reacted well with post-infection ferret antisera raised against available candidate vaccine viruses produced from A/Egypt/N03072/2010 and/or A/Egypt/2321-NAMRU3/2007.

Clade 2.3.2.1 viruses fall into 3 HA genetic groups as follows.

A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010-like viruses were detected in birds in China and Viet Nam but in reduced numbers compared to recent reporting periods. These viruses were genetically similar to viruses detected previously.

A/Hubei/1/2010-like viruses were detected in birds and/or environmental samples from Bangladesh, China, India, Nepal, and Viet Nam (*Figure 2*). While some viruses reacted well with post-infection ferret antisera raised against the available candidate vaccine virus produced from A/Hubei/1/2010, others did not (*Table 3*). Due to these observations and the widespread distribution of these viruses, a new A/duck/Bangladesh/19097/2013-like candidate vaccine virus is proposed.

A/Hong Kong/6841/2010-like viruses were detected in China, Democratic People's Republic of Korea, Indonesia (detected in birds illegally imported into Europe), and Viet Nam. Antigenically (*Table 4*) and genetically (*Figure 3*) some of these viruses have diverged from available candidate vaccine viruses, hence a new A/duck/Viet Nam/1584/2012-like candidate vaccine virus is proposed.

Clade 2.3.4.2 viruses were isolated from birds and environmental samples in China. The HA genes of these

chez des volailles et des êtres humains en Égypte. Ces virus réagissaient bien avec les immunosérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus vaccinaux candidats disponibles, préparés à partir des souches A/Egypt/N03072/2010 et/ou A/Egypt/2321-NAMRU3/2007.

Clade 2.3.2.1 Les virus de ce clade se répartissent en 3 groupes génétiques définis en fonction de HA comme suit.

Des virus analogues à la souche A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 ont été détectés chez des oiseaux en Chine et au Viet Nam, mais en nombres plus réduits que pendant les périodes de rapport récentes. Ces virus étaient génétiquement similaires à ceux détectés précédemment.

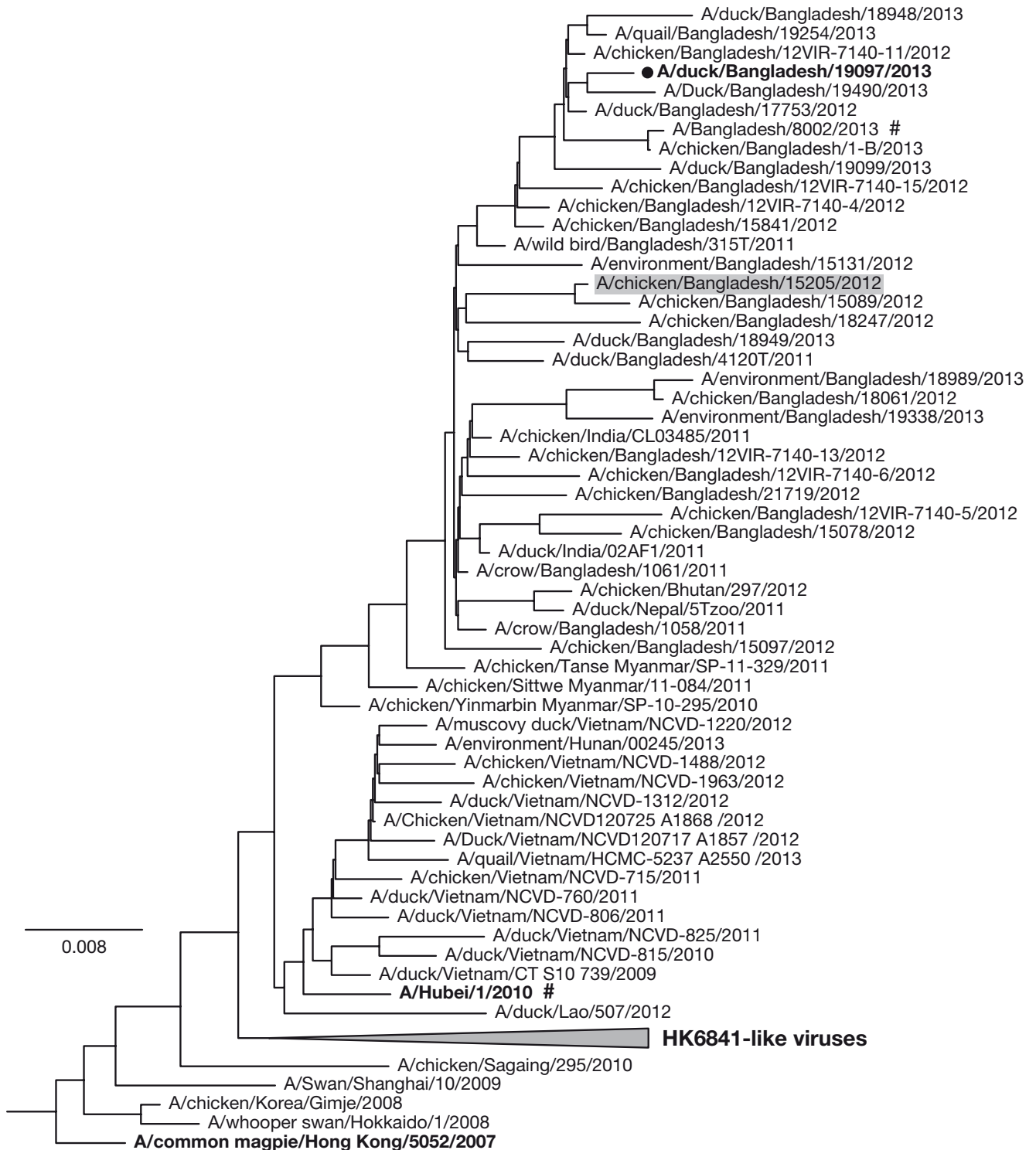
Des virus analogues à la souche A/Hubei/1/2010 ont été décelés chez des oiseaux et/ou dans des échantillons environnementaux au Bangladesh, en Chine, en Inde, au Népal, et au Viet Nam (*Figure 2*). Si certains de ces virus réagissaient bien avec les immunosérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus vaccinaux candidats préparés à partir de la souche A/Hubei/1/2010, d'autres non (*Tableau 3*). En raison de ces observations et de la distribution étendue de ces virus, un nouveau virus vaccinal candidat, analogue à la souche A/duck/Bangladesh/19097/2013, est proposé.

Des virus analogues à la souche A/Hong Kong/6841/2010 ont été détectés en Chine, en République démocratique populaire de Corée, en Indonésie (détectés chez des oiseaux importés illégalement en Europe) et au Viet Nam. Sur le plan antigénique (*Tableau 4*) et génétique (*Figure 3*), certains de ces virus ont divergé par rapport aux virus vaccinaux candidats disponibles, c'est pourquoi un nouveau virus vaccinal candidat, analogue à la souche A/duck/Viet Nam/1584/2012, est proposé.

Clade 2.3.4.2 Des virus de ce clade ont été isolés chez des oiseaux et dans des échantillons environnementaux en Chine.

Figure 2 **Phylogenetic relationships of A(H5N1) clade 2.3.2.1 A/Hubei/1/2010-like virus haemagglutinin genes**

Figure 2 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5N1) analogues à A/Hubei/1/2010 et appartenant au clade 2.3.2.1**



The available candidate vaccine viruses are in **bold** and the HI reference viruses are **highlighted in grey**. The proposed vaccine candidate is indicated (●) as well as human viruses (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont indiqués en caractères **gras** et les virus de référence pour l'épreuve d'IH sont **surlignés en gris**. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●) et les virus humains sont repérés par (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site.

Table 3 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5N1) clade 2.3.2.1 A/Hubei-like viruses**
 Tableau 3 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) analogues à A/Hubei et appartenant au clade 2.3.2.1**

Reference antigens – Antigènes de référence	HK/6841	Hubei (RG30)	CM/HK	CK/BG/15205	DK/BG/19097
A/Hong Kong/6841/2010	40	10	40	40	160
A/Hubei/1/2010 (RG30)	40	80	80	40	320
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007	40	10	80	40	160
A/chicken/Bangladesh/15205/2012	40	10	<10	80	320
A/duck/Bangladesh/19097/2013	40	<10	20	20	160
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/environment/Bangladesh/15131/2012	ND	40	80	20	ND
A/chicken/Bangladesh/15089/2012	ND	40	40	20	ND
A/chicken/Bangladesh/18061/2012	ND	20	<10	20	ND
A/duck/Bangladesh/18949/2013	40	20	80	10	320
A/duck/Bangladesh/18948/2013	20	<10	80	20	160
A/quail/Bangladesh/19254/2013	20	<10	80	10	160
A/chicken/Bangladesh/19338/2013	20	<10	20	<10	320
A/duck/Laos/507/2012	40	10	160	20	320

ND = not done – non réalisé

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Table 4 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5N1) clade 2.3.2.1 A/Hong Kong 6841-like viruses**
 Tableau 4 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) analogues à A/HongKong/6841 et appartenant au clade 2.3.2.1**

Reference antigens – Antigènes de référence	CM/HK	HK/6841	DK/VN/1584	DK/VN/2848
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007	1280	320	640	160
A/Hong Kong/6841/2010	160	640	160	160
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012	160	320	160	320
A/duck/Viet Nam /NCVD-2848/2013	40	320	160	640
Test antigens – Antigènes d'épreuve				
A/duck/Viet Nam/NCVD-2745/2013	320	80	80	ND
A/swiftlet/Viet Nam/NCVD-3000/2013	80	320	40	80
A/duck/Viet Nam/NCVD-0145/2012	160	320	80	160
A/duck/Viet Nam/NCVD-0027/2012	160	640	160	2560
A/duck/Viet Nam/NCVD-0033/2012	160	640	160	160
A/duck/Viet Nam/NCVD-0130/2013	160	320	160	2560

ND = not done – non réalisé

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

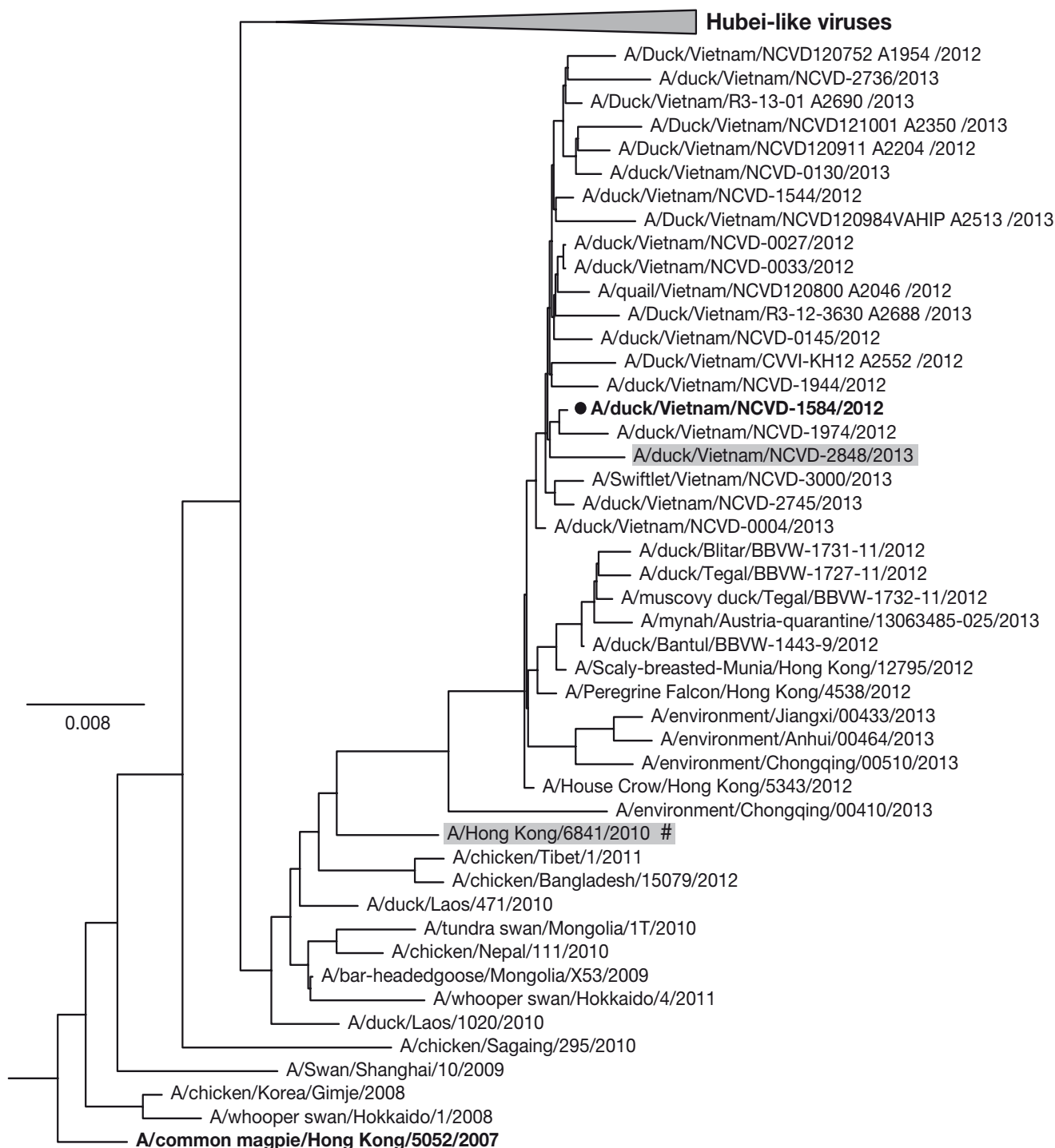
viruses were genetically similar to those of viruses detected previously. Antigenic characterization of these viruses is pending.

Clade 7.2 viruses were detected in China and Viet Nam. Genetically these viruses were similar to viruses char-

Les gènes HA de ces virus étaient similaires à ceux des virus détectés précédemment. Leur caractérisation antigénique est en cours.

Clade 7.2 Des virus de ce clade ont été détectés en Chine et au Viet Nam. Sur le plan génétique, ces virus sont similaires à ceux

Figure 3 **Phylogenetic relationships of A(H5N1) clade 2.3.2.1 A/Hong Kong/6841/2010-like virus haemagglutinin genes**
 Figure 3 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5N1) analogues à A/Hong Kong/6841/2010 et appartenant au clade 2.3.2.1**



The available candidate vaccine viruses are in **bold** and the HI reference viruses are highlighted in grey. The proposed vaccine candidate is indicated (●) as well as human viruses (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont indiqués en caractères **gras** et les virus de référence pour l'épreuve d'IH sont surlignés en gris. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●) et les virus humains sont repérés par (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site.

acterized previously. These viruses had reduced reactivity to post-infection ferret antisera raised against available candidate vaccine viruses and further analyses are proposed to determine if production of additional candidates is needed.

Influenza A(H5N1) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, A/duck/Bangladesh/19097/2013-like (clade 2.3.2.1), A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012-like (clade 2.3.2.1) and A/Cambodia/W0526301/2012-like (clade 1.1) candidate vaccine viruses are proposed. The available and proposed candidate A(H5N1) vaccine viruses are listed in *Table 5*. On the basis of geographic spread, epidemiology and antigenic and genetic properties of A(H5N1) viruses in particular locations, national authorities may consider the use of one or more of these candidate vaccine viruses for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes.

As the viruses continue to evolve, new A(H5N1) candidate vaccine viruses will be developed and announced as they become available. Institutions that wish to receive these candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-whoq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

(2) Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry populations in parts of Africa, Asia and the Middle East. The majority of viruses that have been sequenced belong to the G1, chicken/Beijing (Y280/G9), or Eurasian clades. Since 1998, when the first human infection was detected, the isolation of A(H9N2) viruses from humans and swine has been reported infrequently. In all human cases the associated disease symptoms have been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

Influenza A(H9N2) activity from 19 February to 23 September 2013

No human cases of A(H9N2) infection have been reported in this period. A(H9N2) viruses continue to be isolated from birds in many regions of the world.

Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new A(H9N2) candidate vaccine viruses are proposed. The available A(H9N2) candidate vaccine viruses are listed in *Table 6*. Institutions that wish to receive candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-whoq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

caractérisés auparavant. Ils ont présenté une réactivité réduite à l'égard d'immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus vaccinaux candidats disponibles et des analyses plus poussées sont proposées pour déterminer si la préparation d'autres virus candidats est nécessaire.

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H5N1)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, de nouveaux virus vaccinaux candidats analogues aux virus A/duck/Bangladesh/19097/2013 (clade 2.3.2.1), A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 (clade 2.3.2.1) et A/Cambodia/W0526301/2012 (clade 1.1) sont proposés. Les virus vaccinaux candidats A(H5N1) disponibles et proposés sont recensés dans le *Tableau 5*. D'après la propagation géographique, l'épidémiologie et les propriétés antigéniques et génétiques des virus A(H5N1) en certains lieux, les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats pour produire des lots pilotes de vaccin, réaliser des essais cliniques ou d'autres activités relevant de la préparation à une pandémie.

Les virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H5N1) seront mis au point et annoncés à mesure qu'ils deviennent disponibles. Les institutions souhaitant recevoir ces virus vaccinaux candidats devront contacter l'OMS à l'adresse gisrs-whoq@who.int ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

(2) Grippe A(H9N2)

Les virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques parmi les populations de volailles de certaines parties de l'Afrique, de l'Asie et du Moyen-Orient. La majorité des virus qui ont été séquencés appartiennent au clade G1, chicken/Beijing (Y280/G9) ou eurasiens. Depuis 1998, année au cours de laquelle on a détecté le premier cas d'infection humaine, l'isolement des virus A(H9N2) chez l'homme ou chez le porc a été rarement notifié. Dans tous les cas connus chez l'homme, les symptômes associés ont été bénins et aucune transmission interhumaine n'a été mise en évidence.

Activité de la grippe A(H9N2) du 19 février au 23 septembre 2013

Aucun cas humain d'infection par le virus A(H9N2) n'a été notifié pendant cette période. Des virus A(H9N2) continuent d'être isolés chez des oiseaux dans de nombreuses régions du monde.

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H9N2)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H9N2) n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles sont recensés dans le *Tableau 6*. Les institutions souhaitant recevoir des virus vaccinaux candidats devront contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-whoq@who.int, ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

² Candidate vaccine viruses and potency testing reagents for influenza A(H5N1). Available at <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>, accessed September 2013.

² Candidate vaccine viruses and potency testing reagents for influenza A(H5N1). Disponible à l'adresse: <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>, consulté en septembre 2013.

Table 5 **Status of development of influenza A(H5N1) candidate vaccine virus**
 Tableau 5 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5N1)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Institution^a	Available – Disponibilité
A/Viet Nam/1203/2004 (CDC-RG; SJRG-161052)	1	CDC and SJCRH	Yes – Oui
A/Viet Nam/1194/2004 (NIBRG-14)	1	NIBSC	Yes – Oui
A/Cambodia/R0405050/2007 (NIBRG-88)	1.1	NIBSC	Yes – Oui
A/duck/Hunan/795/2002 (SJRG-166614)	2.1	SJCRH	Yes – Oui
A/Indonesia/5/2005 (CDC-RG2)	2.1.3.2	CDC	Yes – Oui
A/Indonesia/NIHRD11771/2011 (NIIDRG-9)	2.1.3.2	NIID	Yes – Oui
A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005 (SJRG-163222)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
A/chicken/India/NIV33487/2006 (IBCDC-RG7)	2.2	CDC/NIV	Yes – Oui
A/whooper swan/Mongolia/244/2005 (SJRG-163243)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
A/Egypt/2321-NAMRU3/2007 (IDCDC-RG11)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/turkey/Turkey/1/2005 (NIBRG-23)	2.2.1	NIBSC	Yes – Oui
A/Egypt/N03072/2010 (IDCDC-RG29)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 (IDCDC-RG13)	2.2.1.1	CDC	Yes – Oui
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007 (SJRG-166615)	2.3.2.1	SJCRH	Yes – Oui
A/Hubei/1/2010 (IDCDC-RG30)	2.3.2.1	CDC	Yes – Oui
A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (SJ-003)	2.3.2.1	SJCRH	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008 (SJ-002)	2.3.4	SJCRH	Yes – Oui
A/Anhui/1/2005 (IBCDC-RG6)	2.3.4	CDC	Yes – Oui
A/duck/Laos/3295/2006 (CBER-RG1)	2.3.4	FDA	Yes – Oui
A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (SJRG-164281)	2.3.4	SJCRH	Yes – Oui
A/goose/Guiyang/337/2006 (SJRG-165396)	4	SJCRH	Yes – Oui
A/chicken/Viet Nam/NCVD-016/2008 (IDCDC-RG12)	7.1	CDC	Yes – Oui
A/chicken/Viet Nam/NCVD-03/2008 (IDCDC-RG25A)	7.1	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Institution	Availability – Disponibilité
A/chicken/Bangladesh/11RS1984-30/2011-like	2.3.4.2	CDC	Pending – En attente
A/Guizhou/1/2013-like	2.3.4.2	CDC/CCDC	Pending – En attente
A/duck/Bangladesh/19097/2013-like	2.3.2.1	SJCRH	Pending – En attente
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012-like	2.3.2.1	NIBSC	Pending – En attente
A/Cambodia/W0526301/2012-like	1.1	CDC	Pending – En attente

^a Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA; CDC/CCDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA/Chinese Centers for Disease Control and Prevention; CDC/NIV, Centers for Disease Control and Prevention, USA/National Institute of Virology, India; FDA, Food and Drug Administration, USA; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control (a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), UK; NIID- National Institute of Infectious Diseases, Japan; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, USA. – Institutions distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; CDC/CCDC, CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis/Centres chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine; CDC/NIV, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis, en collaboration avec le National Institute of Virology, Inde; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, (un centre sur les produits pharmaceutiques et de soins de l'agence de réglementation (MHRA), Royaume-Uni; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

Table 6 **Status of development of A(H9N2) candidate vaccine virus**
 Tableau 6 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Clade	Institution ^a	Available – Disponibilité
A/Hong Kong/1073/1999	Wild type – Type sauvage	G1	NIBSC	Yes
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (NIBRG-91)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	NIBSC	Yes
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (IBCDC-2)	Conventional reassortant – Réassorti classique	Y280/G9	CDC	Yes
A/Hong Kong/33982/2009 (IDCDC-RG26)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes
A/Bangladesh/0994/2011 (IDCDC-RG31)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes

^a Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency (a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), UK. – Institutions distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control (un centre sur les produits médicamenteux et de soins de l'agence de réglementation (MHRA), Royaume-Uni.

(3) Influenza A(H7)

Influenza A(H7) viruses have been detected in poultry populations worldwide with the associated disease ranging from mild to severe. Occasionally, during outbreaks in poultry, human cases have been detected in those with direct poultry exposure. These infections often cause conjunctivitis or mild influenza-like illness^{3, 4} but some H7 infections, notably A(H7N9),⁵ can cause severe respiratory disease.

Influenza A(H7N9) activity from February to 23 September 2013

The first instance of A(H7N9) infecting humans was reported to WHO on 31 March 2013. There were 135 human cases including 44 deaths. Geographic distribution of these human cases (and genetically related avian and/or environmental samples) has been restricted to China. HA gene sequence and HI test comparison of A(H7N9) viruses isolated from humans and poultry suggest limited genetic and antigenic diversity among this group of viruses (Table 7 and Figure 4).

Influenza A(H7N9) candidate vaccine viruses

Based on the current epidemiologic data, A(H7N9) candidate vaccine viruses have been developed. Available A(H7N9) candidate vaccine viruses are shown in Table 8. Institutions that wish to receive candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-who@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

(3) Grippe A(H7)

Des virus grippaux A(H7) ont été décelés dans des populations de volailles partout dans le monde, avec une maladie associée allant de bénigne à sévère. Occasionnellement, lors des flambées touchant des volailles, des cas d'infection humaine ont été détectés chez des personnes exposés directement à ces oiseaux. Ce type d'infection est souvent à l'origine d'une conjonctivite ou d'un syndrome de type grippal bénin,^{3, 4} mais certaines infections par des virus H7, et notamment par des virus A(H7N9),⁵ peuvent aussi provoquer une maladie respiratoire sévère.

Activité de la grippe A(H7N9) du mois de février au 23 septembre 2013

Le premier cas d'infection humaine par un virus A(H7N9) a été notifié à l'OMS le 31 mars 2013. Il y eu au total 135 cas humains, parmi lesquels 44 décès. La distribution géographique de ces cas humains (et celle des virus génétiquement apparentés isolés dans des échantillons aviaires et/ou environnementaux) se limite à la Chine. Le séquençage des gènes de l'hémagglutinine HA et la comparaison des épreuves d'IH réalisées sur des virus A(H7N9) isolés chez des êtres humains ou chez des volailles laissent entrevoir une diversité génétique et antigénique limitées parmi ce groupe de virus (Tableau 7 et Figure 4).

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H7N9)

Sur la base des données épidémiologiques actuelles, des virus vaccinaux candidats A(H7N9) ont été mis au point. Les virus vaccinaux candidats A(H7N9) disponibles sont présentés dans le Tableau 8. Les institutions souhaitant recevoir des virus vaccinaux candidats devront contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-who@who.int, ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

³ Tweed, SA et al. Human illness from avian influenza H7N3, British Columbia. *Emerging Infectious Diseases*, 2004, 10(12): 2196–2199.

⁴ de Jong MC et al. Intra- and interspecies transmission of H7N7 highly pathogenic avian influenza virus during the avian influenza epidemic in the Netherlands in 2003. *Revue scientifique et technique de l'Office international des épizooties (OIE)*, 2009, 28(1):333–340.

⁵ Avian influenza A(H7N9) virus. Available at http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/influenza_h7n9/en/, accessed September 2013.

³ Tweed, SA et al. Human illness from avian influenza H7N3, British Columbia. *Emerging Infectious Diseases*, 2004, 10(12): 2196–2199.

⁴ de Jong MC et al. Intra- and interspecies transmission of H7N7 highly pathogenic avian influenza virus during the avian influenza epidemic in the Netherlands in 2003. *Revue scientifique et technique de l'Office international des épizooties (OIE)*, 2009, 28(1):333–340.

⁵ Virus de la grippe aviaire A(H7N9). Disponible à l'adresse: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/influenza_h7n9/en/, consulté en septembre 2013.

Table 7 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H7N9) viruses**
 Tableau 7 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H7N9)**

Reference antigens – Antigènes de référence	Subtype	AH1	SH2	PC360	NL12
A/Anhui/1/2013	H7N9	320	640	80	320
A/Shanghai/2/2013	H7N9	320	640	80	1280
A/wild gs/Dongting/PC0360/2012	H7N7	40	160	160	640
A/mallard/Netherlands/12/2000	H7N3	160	320	80	640
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/Shanghai/1/2013	H7N9	160	320	80	640
A/Jiangsu/01/2013	H7N9	320	640	80	640
A/Zhejiang/01/2013	H7N9	320	640	80	640
A/Beijing/01-A/2013	H7N9	320	640	80	640
A/Henan/01/2013	H7N9	160	320	80	320
A/Shandong/01/2013	H7N9	320	640	80	320
A/Fujian/01/2013	H7N9	320	640	80	640
A/Jiangxi/01/2013	H7N9	320	640	80	640
A/Hunan/01/2013	H7N9	160	640	80	640
A/Anhui/02/2013	H7N9	320	1280	80	640
A/Shandong/0068A/2013	H7N9	320	640	160	640
A/chicken/Shanghai/S1053/2013	H7N9	160	320	80	640
A/pigeon/Shanghai/S1069/2013	H7N9	320	640	80	640
A/environment/Shandong/1/2013	H7N9	320	640	160	1280

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Influenza A(H7N3) activity from 19 February to 23 September 2013

Highly pathogenic A(H7N3) viruses continue to circulate in poultry in Mexico. No human cases have been reported during this period.

Influenza A(H7N7) activity from 19 February to 23 September 2013

Since 14 August 2013 there have been 6 outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H7N7) in poultry in Italy. Three cases of A(H7N7) conjunctivitis were documented in personnel involved in culling operations with one case developing influenza-like illness. All individuals recovered without treatment. Genetically, the A(H7N7) viruses were similar to low pathogenic viruses circulating in wild birds in Europe and those causing sporadic and limited outbreaks in poultry in Central and Northern Europe (*Figure 4*). Antigenically, the A(H7N7) virus reacted well to post-infection ferret antisera raised against the candidate vaccine viruses A/turkey/Virginia/4529/2002 (H7N2) IBCDC-5 and A/mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) IBCDC-1.

Activité de la grippe A(H7N3) du 19 février au 23 septembre 2013

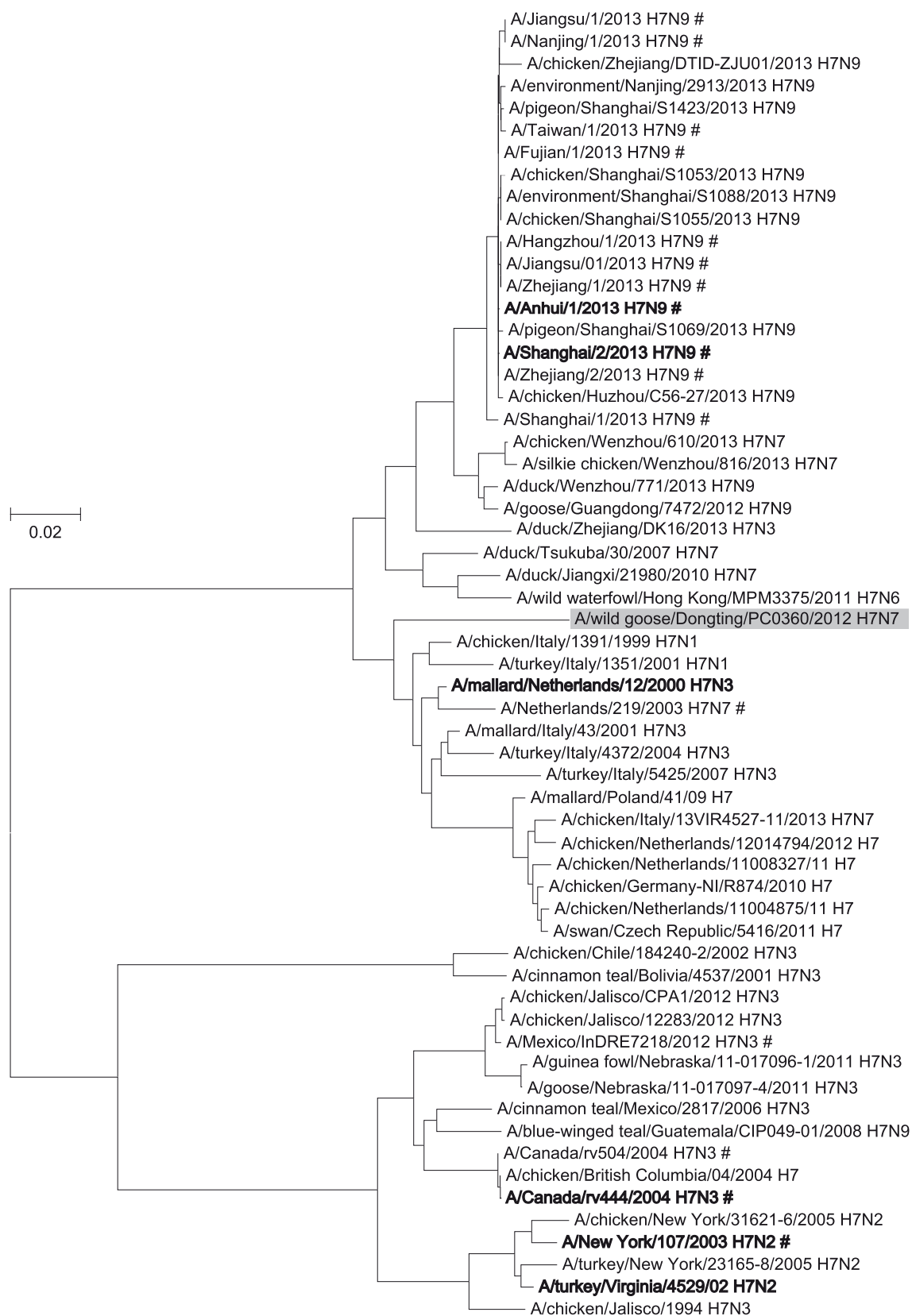
Des virus A(H7N3) hautement pathogènes continuent de circuler chez les volailles au Mexique. Aucun cas humain n'a été notifié pendant cette période.

Activité de la grippe A(H7N7) du 19 février au 23 septembre 2013

Depuis le 14 août 2013, il y a eu 6 flambées de grippe de grippe aviaire hautement pathogène A(H7N7) chez les volailles en Italie. Trois cas de conjonctivite à A(H7N7) ont été enregistrés parmi le personnel participant aux opérations d'abattage, l'un d'entre eux ayant également présenté un syndrome de type grippal. Toutes ces personnes se sont rétablies sans traitement. Génétiquement, ces virus A(H7N7) étaient similaires à des virus faiblement pathogènes circulant en Europe chez des oiseaux sauvages et à ceux à l'origine de flambées sporadiques et limitées chez les volailles en Europe centrale et septentrionale (*Figure 4*). Sur la plan antigénique, ces virus A(H7N7) réagissaient bien avec des immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus vaccinaux candidats A/turkey/Virginia/4529/2002 (H7N2) IBCDC-5 et A/mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) IBCDC-1.

Figure 4 **Phylogenetic relationships of A(H7) virus haemagglutinin genes**

Figure 4 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H7) appartenant au clade 1.1**



The available candidate vaccine viruses are in **bold** and the HI reference viruses are highlighted in grey. Human viruses are indicated (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont indiqués en caractères **gras** et les virus de référence pour l'épreuve d'IH sont surlignés en gris. Les virus humains sont repérés par (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site.

Table 8 **Status of development of influenza A(H7N9) candidate vaccine virus**
 Tableau 8 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7N9)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution ^a	Available – Disponibilité
A/Anhui/1/2013 (H7N9) IDCCD-RG33A ^b	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (H7N9) NIBRG-268	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (H7N9) NIIDRG-10.1	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) NIBRG-267	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) CBER-RG4A	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) IDCCD-RG32A	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui

^a Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA; FDA, Food and Drug Administration, USA; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency (a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), UK; NIID- National Institute of Infectious Diseases, Japan. – Institutions distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control (un centre sur les produits pharmaceutiques et de soins de l'agence de réglementation (MHRA), Royaume-Uni; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

^b Downgrading of biosafety level pending WHO working group review. – La diminution du niveau de sécurité biologique dépend du rapport du groupe de travail de l'OMS.

Table 9 **Status of development of influenza A(H7) candidate vaccine virus**
 Tableau 9 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution ^a
A/turkey/Virginia/4529/2002 (H7N2) IBCDC-5	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC
A/mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) IBCDC-1	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC
A/mallard/Netherlands/12/2000 (H7N3) NIBRG-60	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC
A/mallard/Netherlands/12/2000 (H7N1) NIBRG-63	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC
A/Canada/RV444/2004 (H7N3)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH
A/New York/107/2003 (H7N2) NIBRG-109	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC

^a Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA; FDA, Food and Drug Administration, USA; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency (a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), UK; NIID- National Institute of Infectious Diseases, Japan ; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, USA. – Institutions distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control (un centre sur les produits pharmaceutiques et de soins de l'agence de réglementation (MHRA), Royaume-Uni; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

Influenza A(H7) candidate vaccine viruses

Available A(H7) candidate vaccine viruses are shown in *Table 9* additional to those available for A(H7N9) described in *Table 8*. Based on current data, no new A(H7N3) or A(H7N7) candidate vaccine viruses are proposed. Institutions that wish to receive candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-who@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

(4) Influenza A(H3N2) variant (v)⁶

Influenza A(H3N2) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H7)

Les virus vaccinaux candidats A(H7) disponibles sont présentés dans le *Tableau 9* en plus de ceux disponibles pour préparer un vaccin contre la grippe A(H7N9) décrits dans le *Tableau 8*. Au vu des données actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H7N3) ou A(H7N7) n'est proposé. Les institutions souhaitant recevoir des virus vaccinaux candidats devront contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-who@who.int, ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

(4) Variant du virus grippal A(H3N2) [A(H3N2)v]⁶

Des virus grippaux A(H3N2) sont enzootiques parmi les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les

⁶ *Standardization of terminology for the variant A(H3N2) virus recently infecting humans.* Available at http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_ah3n2v/en/index.html, accessed September 2013.

⁶ *Standardization of terminology for the variant A(H3N2) virus recently infecting humans.* Disponible à l'adresse: http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_ah3n2v/en/index.html, consulté en septembre 2013.

Table 10 **Status of development of A(H3N2)v candidate vaccine virus**
 Tableau 10 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H3N2)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution
A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC ^a
A/Indiana/10/2011 (NYMC X-213)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC

^a Institution distributing the candidate vaccine viruses: – CDC, Centers for Disease Control and Prevention, USA. – Institution distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis.

geographic location, the genetic and antigenic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine A(H3N2) viruses have been documented in Asia, Europe and North America.⁷

Influenza A(H3N2)v activity from 19 February to 23 September 2013

Eighteen human cases of A(H3N2)v infection were reported in the United States (USA) during this reporting period.⁸ These viruses were genetically and antigenically similar to previously characterized A(H3N2)v viruses. All cases had known exposure to swine at agricultural fairs. Similar viruses continue to be isolated from pigs in the USA.

Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new A(H3N2)v candidate vaccine viruses are proposed. Available candidate vaccine viruses are shown in *Table 10*. Institutions that wish to receive candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-whoq@who.int or Centers for Disease Control and Prevention, USA.

(5) Influenza A(H1N1)v

Influenza A(H1N1) viruses circulate in swine populations in many regions of the world. Depending on geographic location, the genetic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine A(H1) viruses have been documented for many years.⁹ Two human infections with A(H1N1)v viruses have been detected in the USA during the reporting period. These viruses are genetically similar to viruses circulating in swine in the region and to A(H1N1)v viruses detected in previous years.

Influenza A(H1N1)v candidate vaccine viruses

Based on a risk assessment of the antigenic and genetic characteristics of the A(H1N1)v viruses, candidate vaccine viruses are not proposed at this time.

caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Des infections humaines par des virus porcins A(H3N2) ont été attestées en Asie, en Europe et en Amérique du Nord.⁷

Activité de la grippe A(H3N2)v du 19 février au 23 septembre 2013

Dix-huit cas humains d'infection par un virus A(H3N2)v infection ont été notifiés aux États-Unis pendant la période couverte par le rapport.⁸ Ces virus étaient similaires sur le plan génétique et antigénique aux virus A(H3N2)v précédemment caractérisés. Tous les cas avaient subi une exposition connue aux porcs lors de foires agricoles. Des virus similaires continuent d'être isolés chez les porcs aux États-Unis.

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H3N2)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H3N2)v n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats disponibles sont présentés dans le *Tableau 10*. Les institutions souhaitant recevoir des virus vaccinaux candidats devront contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-whoq@who.int, ou les *Centers for Disease Control and Prevention* des États-Unis.

(5) Grippe A(H1N1)v

Des virus grippaux A(H1N1) circulent parmi les populations porcines dans de nombreuses régions du monde. Les caractéristiques génétiques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Des infections humaines par des virus porcins A(H1) ont été enregistrées pendant un grand nombre d'années.⁹ Deux infections humaines par des virus A(H1N1)v ont été détectées aux États-Unis sur la période couverte par le rapport. Ces virus étaient génétiquement similaires aux virus circulant chez les porcs dans la région et aux virus A(H1N1)v détectés au cours des années antérieures.

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H1N1)v

Au vu de l'évaluation des risques liés aux caractéristiques antigéniques et génétiques des virus A(H1N1)v, il n'est pas proposé de virus vaccinal candidat en ce moment.

⁷ Myers KP et al. Cases of swine influenza in humans: a review of the literature. *Clinical Infectious Diseases*, 2007, 44:1084–1088.

⁸ *Situation summary on influenza A (H3N2) variant viruses (H3N2v)*. Available at <http://www.cdc.gov/flu/swineflu/h3n2v-situation.htm>, accessed September 2013.

⁹ Shu B et al. Genetic analysis and antigenic characterization of swine origin influenza viruses isolated from humans in the United States, 1990–2010. *Virology*, 2012, 422:151.

⁷ Myers KP et al. Cases of swine influenza in humans: a review of the literature. *Clinical Infectious Diseases*, 2007, 44:1084–1088.

⁸ *Situation summary on influenza A (H3N2) variant viruses (H3N2v)*. Disponible à l'adresse: <http://www.cdc.gov/flu/swineflu/h3n2v-situation.htm>, consulté en septembre 2013.

⁹ Shu B et al. Genetic analysis and antigenic characterization of swine origin influenza viruses isolated from humans in the United States, 1990–2010. *Virology*, 2012, 422:151.

(6) Influenza A(H6N1)

A human infection with A(H6N1) virus was detected in Taiwan, China in May.¹⁰ No human A(H6N1) infections had been detected previously. The virus was genetically similar to viruses isolated from chickens in Taiwan, China but different from A(H6N1) viruses circulating in poultry in other regions of Asia.

Influenza A(H6N1) candidate vaccine viruses

Based on a risk assessment, no candidate vaccine viruses have been proposed at this time. ■

¹⁰ Yuan, J. et al. Origin and molecular characteristics of a novel 2013 avian influenza A(H6N1) virus causing human infection in Taiwan, 2013. *Clinical Infectious Diseases*, 2013 [Epub ahead of print].

(6) Grippe A(H6N1)

Une infection humaine par un virus A(H6N1) a été détectée à Taïwan, en Chine, au mois de mai.¹⁰ Aucune infection humaine par un tel virus n'avait été repérée auparavant. Le virus en cause était similaire sur le plan génétique à des virus isolés chez les poulets à Taïwan, mais différait des virus A(H6N1) circulant chez les volailles dans d'autres régions d'Asie.

Virus vaccinaux candidats pour préparer un vaccin contre la grippe A(H6N1)

Sur la base de l'évaluation des risques, aucun virus vaccinal candidat n'a été proposé pour le moment. ■

¹⁰ Yuan, J. et al. Origin and molecular characteristics of a novel 2013 avian influenza A(H6N1) virus causing human infection in Taiwan, 2013. *Clinical Infectious Diseases*, 2013 [Epub en avance d'impression].

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/>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the WER, together with other short epidemiological bulletins. To subscribe, send a message to listserv@who.int. The subject field should be left blank and the body of the message should contain only the line subscribe wer-reh. 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 REH ainsi que d'autres bulletins épidémiologiques. Pour vous abonner, merci d'envoyer un message à listserv@who.int en laissant vide le champ du sujet. Le texte lui-même ne devra contenir que la phrase suivante: subscribe wer-reh.

WWW access • <http://www.who.int/wer/>

E-mail • send message **subscribe wer-reh** to listserv@who.int

Fax: (+4122) 791 48 21/791 42 85

Contact: wantzc@who.int or wer@who.int

Accès WWW • <http://www.who.int/wer/>

Courrier électronique • envoyer message **subscribe wer-reh** à listserv@who.int

Fax: +41-(0)22 791 48 21/791 42 85

Contact: wantzc@who.int ou wer@who.int

Monthly report on dracunculiasis cases, January–August 2013

In order to monitor the progress accomplished towards dracunculiasis eradication, district-wise surveillance indicators, a line list of cases and a line list of villages with cases are sent to WHO by the national dracunculiasis eradication programmes. Information below is summarized from these reports. ■

Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-août 2013

Afin de suivre les progrès réalisés vers l'éradication de la dracunculose, les programmes nationaux d'éradication de la dracunculose envoient à l'OMS des indicateurs de surveillance des districts sanitaires, une liste exhaustive des cas ainsi qu'une liste des villages ayant signalé des cas. Les renseignements ci-dessous sont résumés à partir de ces rapports. ■

Country – Pays	Date of receipt of the report ^a – Date de réception du rapport ^a	Total no. of rumours ^b of suspected dracunculiasis cases in 2013 – Nombre total de rumeurs ^b de cas suspects de dracunculose en 2013	No. of new dracunculiasis cases reported in 2013 ^c – Nombre de nouveaux cas de dracunculose signalés en 2013 ^c								Total	Total no. of reported cases for the same months of 2012 – Nombre total de cas signalés pour les mêmes mois en 2012	Total no. of villages reporting cases in – Nombre total de villages signalant des cas en		Month of emergence of last reported indigenous case – Mois d'émergence du dernier cas autochtone signalé
			January – Janvier	February – Février	March – Mars	April – Avril	May – Mai	June – Juin	July – Juillet	August – Août			2013	2012	
Endemic countries – Pays d'endémie															
Chad – Tchad	3 October 2013 – 3 octobre 2013	867	0	0	0	3	1	1	2	1	8	7	8	7	August 2013 – Août 2013
Ethiopia – Éthiopie	7 October 2013 – 7 octobre 2013	495	0	0	0	1	4	1	0	0	6	3	4	3	June 2013 – Juin 2013
Mali ^d	4 October 2013 – 4 octobre 2013	20	0	0	0	3	1	0	0	0	4	4	3	3	June 2013 – Juin 2013
South Sudan – Soudan du Sud	30 September 2013 – 30 septembre 2013	280	0	2	4	25	24	19	13	9	96	485	70	250	August 2013 – Août 2013
Precertification countries – Pays au stade de la précertification															
Côte d'Ivoire	27 September 2013 – 27 septembre 2013	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	July 2006 – Juillet 2006
Ghana	10 October 2013 – 10 octobre 2013	279	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	May 2010 – Mai 2010
Kenya	25 September 2013 – 25 septembre 2013	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	October 1994 – Octobre 1994
Niger	16 September 2013 – 16 septembre 2013	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	October 2008 – Octobre 2008
Nigeria – Nigéria	4 October 2013 – 4 octobre 2013	211	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	November 2008 – Novembre 2008
Sudan – Soudan	1 October 2013 – 1 ^{er} octobre 2013	198	0	0	0	0	0	1 ^e	0	0	1	0	1	0	June 2013 – Juin 2013
Total		21532	0	2	4	29	32	23	15	10	115	499	86	263	

Source: Ministries of Health – Ministères de la Santé.

^a Each monthly report is due by the 30th of the following month. – Chaque rapport mensuel est attendu pour le 30 du mois suivant.

^b Rumour of dracunculiasis. Information about an alleged case of dracunculiasis (Guinea-worm disease) obtained from any source (informants). – Rumeur de dracunculose. Information au sujet d'un cas présumé de dracunculose (maladie du ver de Guinée) obtenue à partir de n'importe quelle source (informateurs).

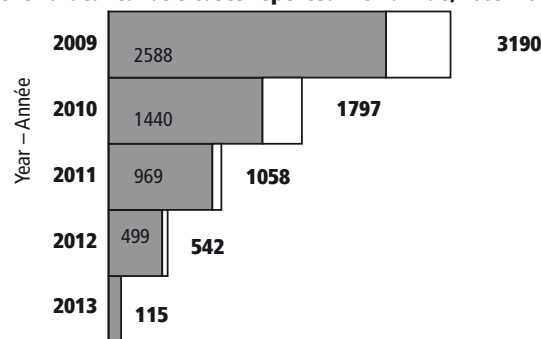
^c The total number of dracunculiasis cases includes both indigenous and imported cases. – Le nombre total de cas de dracunculose regroupe les cas autochtones et les cas importés.

^d Data regarding the number of dracunculiasis cases reported in Mali for the months of May and June were updated from the latest report published (see No. 39, 2013, pp. 427–428). – Les données concernant le nombre de cas de dracunculose signalés au Mali au cours des mois de mai et juin ont été mises à jour en se basant sur le dernier rapport publié (voir le N° 39, 2013, pp. 427–428).

^e Based on laboratory report from the WHO Collaborating Centre (at the US Centers for Diseases Control and Prevention) of the worm sample from a suspected case in southern Darfur region of Sudan. The source of transmission is being investigated. – Basé sur le rapport de laboratoire fourni par le centre collaborateur de l'OMS (situé au sein des *Centers for Diseases Control and Prevention* des Etats-Unis) concernant un échantillon de ver prélevé chez un cas présumé vivant dans une région du sud du Darfour, au Soudan. L'enquête pour déterminer la source de transmission est en cours.

NR= No report received for the month. – Aucun rapport reçu pour le mois.

No. of dracunculiasis cases reported worldwide, 2009–2013 – Nombre de cas de dracunculose signalés dans le monde, 2009–2013



The value outside the bar indicates the total number of dracunculiasis cases reported for that year. – La valeur à l'extérieur de la barre indique le nombre total de cas de dracunculose signalés pour l'année en question.

The shaded portion and the number inside the bar indicate reported dracunculiasis cases for that period compared with the number of cases reported in 2013. – La portion colorée et le nombre à l'intérieur de la barre indiquent le nombre de cas de dracunculose au cours de cette période comparativement au nombre de cas signalés en 2013.