



## Contents

- 485 Zoonotic influenza viruses: antigenic and genetic characteristics and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness
- 499 Monthly report on dracunculiasis cases, January–August 2016

## Sommaire

- 485 Virus grippaux zoonotiques: caractéristiques génétiques et antigéniques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie
- 499 Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-août 2016

## Zoonotic influenza viruses: antigenic and genetic characteristics and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

### September 2016

The development of candidate influenza vaccine viruses (CVVs), coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for pandemic preparedness.

Selection and development of CVVs are the first steps towards timely vaccine production; they do not imply any recommendation for initiating manufacture. National authorities may consider the use of one or more of the CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need.

Zoonotic influenza viruses continue to be identified and evolve both genetically and antigenically, leading to the need for new CVVs for pandemic preparedness purposes. Changes in the genetic and antigenic characteristics of these viruses relative to existing CVVs, and their potential risks to public health, necessitate the selection and development of new CVVs.

This report summarizes the genetic and antigenic characteristics of recently characterized zoonotic influenza viruses and related viruses circulating in animals<sup>1</sup> that are relevant for CVV updates. Institutions interested in receiving these CVVs should

## Virus grippaux zoonotiques: caractéristiques génétiques et antigéniques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

### Septembre 2016

La mise au point de virus vaccinaux candidats contre la grippe, sous la coordination de l'OMS, demeure une composante essentielle de la stratégie mondiale globale de préparation aux pandémies.

La sélection et la mise au point de virus vaccinaux candidats constituent une première étape vers la production en temps utile des vaccins, mais n'impliquent pas qu'il soit recommandé d'en démarrer la fabrication. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres activités de préparation aux pandémies, selon leur évaluation des risques et des besoins de santé publique.

Des virus grippaux zoonotiques présentant une évolution à la fois génétique et antigénique continuent d'être identifiés, d'où la nécessité de mettre au point des virus vaccinaux candidats supplémentaires aux fins de la préparation aux pandémies. L'évolution des caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus par rapport aux virus vaccinaux candidats existants et les risques potentiels qui en résultent pour la santé publique justifient que l'on sélectionne et que l'on mette au point de nouveaux virus vaccinaux candidats.

Le présent document fournit un récapitulatif des caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques récemment isolés, ainsi que des virus apparentés qui circulent chez les animaux<sup>1</sup> et présentent un intérêt pour l'actualisation des virus vacci-

WORLD HEALTH  
ORGANIZATION  
Geneva

ORGANISATION MONDIALE  
DE LA SANTÉ  
Genève

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

10.2016  
ISSN 0049-8114  
Printed in Switzerland

<sup>1</sup> For information relevant to other notifiable influenza virus infections in animals refer to [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home)

<sup>1</sup> Pour toute information relative à la notification d'autres infections par les virus grippaux chez l'animal, consulter: [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home/index/newlang/fr](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home/index/newlang/fr)

contact WHO at [gisrs-who@who.int](mailto:gisrs-who@who.int) or the institutions listed in announcements published on the WHO website.<sup>2</sup>

### (1) Influenza A(H5)

Since their emergence in 1997, highly pathogenic avian influenza A(H5) viruses of the A/goose/Guangdong/1/96 haemagglutinin (HA) lineage have become enzootic in some countries, have infected wild birds and continue to cause outbreaks in poultry and sporadic human infections. These viruses have diversified genetically and antigenically, including the emergence of viruses with replacement of the N1 gene segment by N2, N3, N5, N6, N8 or N9 gene segments, leading to the need for multiple CVVs. This summary provides updates on the characterization of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses and the current status of the development of influenza A(H5) CVVs.

#### Influenza A(H5) activity from 23 February 2016 to 26 September 2016

A(H5) human infections have been reported to WHO by China (4 cases) and Egypt (10 cases; the date of disease onset for 2 of these fell outside of the reporting period) where A(H5) infections have also been detected in birds. The human infections in Egypt were caused by A(H5N1) viruses, while the human infections in China were caused by A(H5N6) viruses. A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses were detected in birds in Bangladesh, Cambodia, Cameroon, China, Côte d'Ivoire, Egypt, Ghana, India, Indonesia, Iraq, Lebanon, Myanmar, Nigeria, the Republic of Korea, the Russian Federation, Togo, the United States of America (USA) and Viet Nam (Table 1).

#### Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H5) viruses

The nomenclature for phylogenetic relationships among the HA genes of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses is defined in consultation with representatives of WHO, the UN Food and Agriculture Organization (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions.<sup>3</sup>

Viruses circulating and characterized from 23 February 2016 to 26 September 2016 belong to the following clades:

*Clade 2.2.1.2* viruses were detected in poultry and 8 human infections in Egypt. Although the HAs of the 2016 viruses have accumulated a number of amino acid substitutions relative to A/Egypt/N04915/2014, from which a CVV has been developed, they remain antigenically similar to the CVV.

naux candidats. Les institutions souhaitant recevoir ces virus vaccinaux candidats devront prendre contact avec l'OMS, à l'adresse [gisrs-who@who.int](mailto:gisrs-who@who.int), ou avec les organismes dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.<sup>2</sup>

### 1) Grippe A(H5)

Depuis leur émergence en 1997, des virus de la grippe aviaire A(H5) hautement pathogènes contenant le gène de l'hémagglutinine (HA) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 sont devenus enzootiques dans certains pays, ont infecté des oiseaux sauvages et continuent de provoquer des flambées chez les volailles, ainsi que des infections sporadiques chez l'homme. Ces virus se sont diversifiés sur le plan génétique et antigénique, notamment par l'apparition de virus porteurs d'une substitution génétique du segment N1 par des segments N2, N3, N5, N6, N8 ou N9, ce qui impose de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 et sur l'état d'avancement des activités de préparation de virus candidats devant entrer dans la composition d'un vaccin contre la grippe A(H5).

#### Activité de la grippe A(H5) du 23 février 2016 au 26 septembre 2016

Des infections humaines par les virus A(H5) ont été notifiées à l'OMS par la Chine (4 cas) et l'Égypte (10 cas, dont 2 pour lesquels la date d'apparition de la maladie se trouve en dehors de la période du présent rapport). En Égypte, des infections par les virus A(H5) ont également été détectées chez des oiseaux. Les cas d'infection humaine en Égypte étaient dus aux virus A(H5N1), tandis que ceux de la Chine étaient imputables aux virus A(H5N6). Chez les oiseaux, des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 ont été détectés dans les pays suivants: Bangladesh, Cambodge, Cameroun, Chine, Côte d'Ivoire, Égypte, États-Unis d'Amérique (USA), Fédération de Russie, Ghana, Inde, Indonésie, Iraq, Liban, Myanmar, Nigéria, République de Corée, Togo et Viet Nam (Tableau 1).

#### Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5)

La nomenclature des liens de parenté phylogénétiques existant entre les gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 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.<sup>3</sup>

Les virus circulants qui ont été caractérisés entre le 23 février 2016 et le 26 septembre 2016 appartenaient aux clades suivants:

Des virus du clade 2.2.1.2 ont été détectés chez des volailles et dans 8 cas d'infection humaine en Égypte. Bien que les virus identifiés en 2016 présentent plusieurs substitutions d'acides aminés sur le gène de l'hémagglutinine par rapport à la souche A/Egypt/N04915/2014 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat, ils demeurent analogues à ce virus vaccinal candidat sur le plan antigénique.

<sup>2</sup> See <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

<sup>3</sup> See <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

<sup>2</sup> Voir <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

<sup>3</sup> Voir <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

Table 1 **Recent influenza A(H5) activity reported to international agencies**  
 Tableau 1 **Activité récente de la grippe A(H5) signalée aux agences internationales**

Reporting country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade – Clade génétique
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.2.1a
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Cameroon – Cameroun	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
China – Chine	Poultry/environmental – Volaille/Environnemental Human (4) <sup>a</sup> – Humain (4) <sup>a</sup>	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N2/N3/N6/N8/N9) 2.3.4.4 (H5N6)
Côte d'Ivoire	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Egypt – Égypte	Poultry – Volaille Human (8) <sup>a</sup> – Humain (8) <sup>a</sup>	2.2.1.2 2.2.1.2
Ghana	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
India – Inde	Poultry – Volaille	2.3.2.1a
Indonesia – Indonésie	Poultry – Volaille	Unknown – Non connu
Iraq	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Lebanon – Liban	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Myanmar	Poultry – Volaille	Unknown – Non connu
Nigeria – Nigéria	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Republic of Korea – République de Corée	Poultry – Volaille	2.3.4.4 (H5N8)
Russian Federation – Fédération de Russie	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
Togo	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
United States of America – États Unis d'Amérique	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N2)
Viet Nam	Poultry – Volaille	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N6)

<sup>a</sup> Numbers in parentheses denotes the number of human cases reported to WHO with illness onset dates falling within the reporting period. – Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de cas humains notifiés à l'OMS au cours de cette période.

*Clade 2.3.2.1a* viruses were detected in birds in Bangladesh and India. The HA genes of these viruses were similar to viruses detected in the region in previous periods. While recent viruses isolated from quail in Bangladesh have diversified antigenically, the 2016 clade 2.3.2.1a viruses generally reacted well with post-infection ferret antiserum raised against the A/duck/Bangladesh/19097/2013 CVV.

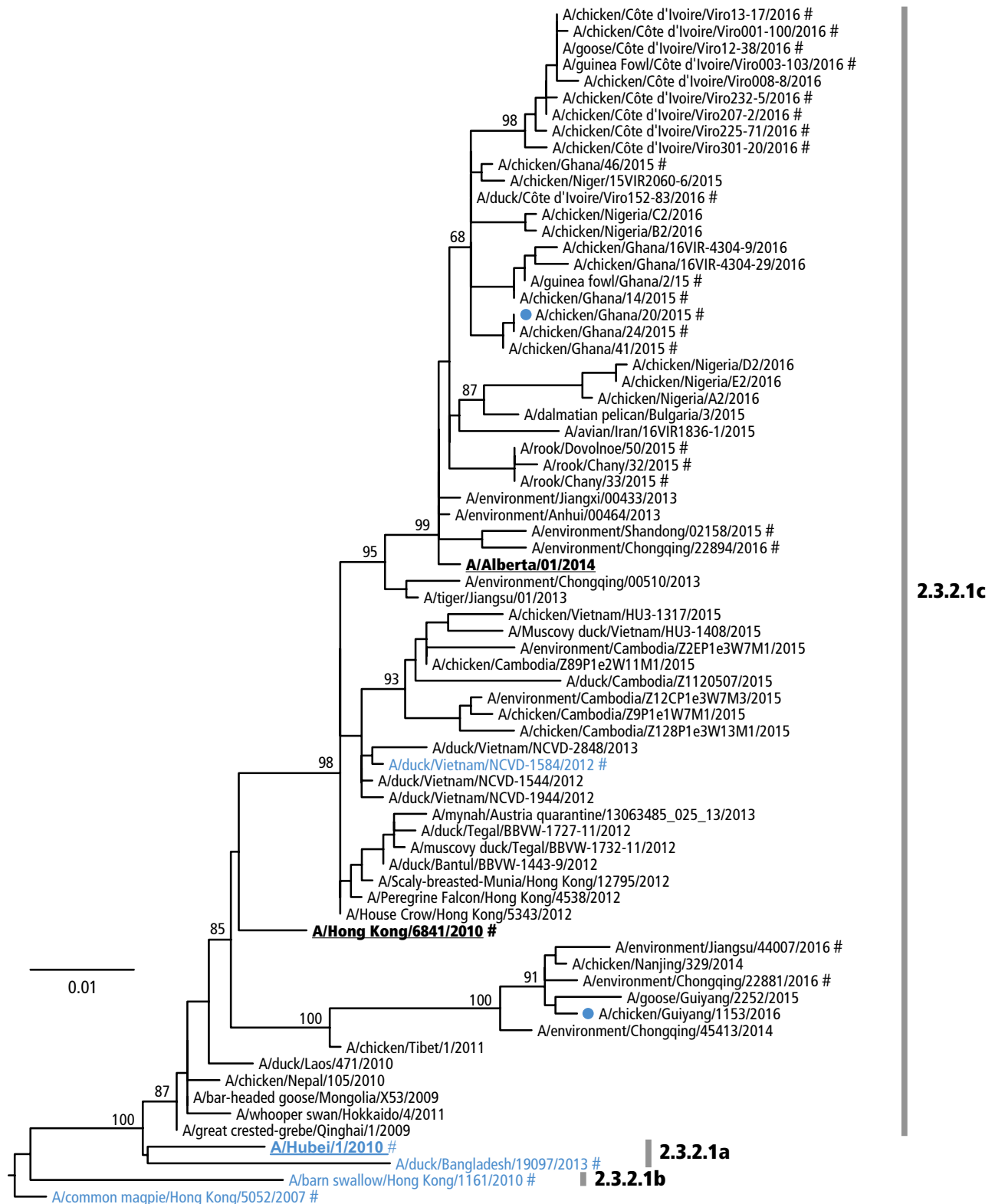
*Clade 2.3.2.1c* viruses were detected in birds in Cambodia, Cameroon, China, Côte d'Ivoire, Ghana, Iraq, Lebanon, Nigeria, Togo and Viet Nam. Viruses of this clade have continued to evolve, leading to significant genetic and antigenic diversity. Viruses detected from poultry and the environment in China were genetically and antigenically distinct from A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012, from which a CVV has been developed (Figure 1 and Table 2) and therefore development of a

Des virus du clade 2.3.2.1a ont été détectés chez des oiseaux au Bangladesh et en Inde. Les gènes de l'hémagglutinine de ces virus sont analogues à ceux des virus détectés dans la région au cours des périodes précédentes. Tandis que les virus récemment isolés chez des cailles au Bangladesh présentent une diversification antigénique, les virus du clade 2.3.2.1a de 2016 ont généralement bien réagi avec un immunosérum de furet post-infection dirigé contre le virus vaccinal candidat A/duck/Bangladesh/19097/2013.

Des virus du clade 2.3.2.1c ont été détectés chez des oiseaux au Cambodge, au Cameroun, en Chine, en Côte d'Ivoire, au Ghana, en Iraq, au Liban, au Nigéria, au Togo et au Viet Nam. Les virus de ce clade ont continué d'évoluer, menant à une diversification génétique et antigénique importante. En Chine, les virus détectés chez des volailles et dans l'environnement divergeaient, sur le plan génétique comme antigénique, de la souche A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat (Figure 1 et Tableau 2). Il est donc proposé

Figure 1 **Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.2.1 haemagglutinin genes**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.2.1**



The available candidate vaccine viruses (CVVs) appear in blue. The proposed CVV is indicated (●); all human viruses are underlined and in bold font. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en bleu. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●); tous les virus humains sont soulignés et indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 2 **Haemagglutination inhibition assays of influenza A(H5N1) clade 2.3.2.1c viruses**  
 Tableau 2 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.3.2.1c**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	NIBRG-23	HK/ 5052	Hubei/ 10	BA/ 19097	HK/D10-1161	dk/VN/ 1584
A/turkey/Turkey/1/2005 NIBRG-23	2.2.1	<b>80</b>	320	40	160	1280	160
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007 (SJRG-166615)	2.3.2.1	< <sup>a</sup>	<b>320</b>	20	80	640	160
A/Hubei/1/2010 (IDCDC-RG30)	2.3.2.1a	<	640	<b>160</b>	160	1280	160
A/duck/Bangladesh/19097/2013 (SJ007)	2.3.2.1a	<	640	<	<b>640</b>	640	160
A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (SJ003)	2.3.2.1b	<	320	<	80	<b>640</b>	80
Test antigens – Antigènes d'épreuve							
A/Environment/Jiangsu/44007/2016	2.3.2.1c	<	<	<	<	20	<
A/Environment/Chongqing/22881/2016	2.3.2.1c	<	<	<	<	<	<
A/Environment/Chongqing/22894/2016	2.3.2.1c	<	<	<	20	40	20
A/Environment/Shandong/02158/2015	2.3.2.1c	<	<	<	40	80	40

<sup>a</sup> Represents a haemagglutination inhibition titre of <20. – Représente un titre d'inhibition de l'hémagglutination de <20.

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

new CVV derived from an A/chicken/Guiyang/1153/2016-like virus is proposed. Clade 2.3.2.1c viruses from south-east Asia, the Middle East and West Africa have accumulated a number of amino acid substitutions relative to A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012. Viruses from several West African countries, in particular, reacted poorly with post-infection ferret antisera raised to available CVVs (Table 3) and the development of a new CVV derived from an A/chicken/Ghana/20/2015-like virus is proposed.

Clade 2.3.4.4 viruses were detected in birds in the Republic of Korea, the Russian Federation, the USA and Viet Nam and in birds, environmental samples and humans in China. Phylogenetic analysis of the HA gene segment of viruses from the Republic of Korea, the Russian Federation, the USA, Viet Nam and some of the viruses from China indicated that they were very similar to those of viruses characterized in previous periods (Figure 2). Correspondingly, these viruses reacted well with post-infection ferret antisera raised to available CVVs. An increasing number of recent viruses from China, including those from human cases, had HA gene sequences that clustered together and had accumulated up to 13 amino acid substitutions relative to A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015, for which a CVV has been proposed. These viruses also reacted poorly with post-infection ferret antisera raised against A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015-like viruses, including A/Guangdong/99710/2014 and A/chicken Shenzhen/433/2013 (Table 4 and 5), and a new CVV based on an A/Hubei/29578/2016-like A(H5N6) virus is proposed.

de mettre au point un nouveau virus vaccinal candidat dérivé d'une souche de type A/chicken/Guiyang/1153/2016. Des virus du clade 2.3.2.1c identifiés en Asie du Sud-Est, au Moyen-Orient et en Afrique de l'Ouest présentaient plusieurs substitutions d'acides aminés par rapport à la souche A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012. En particulier, certains virus isolés dans plusieurs pays d'Afrique de l'Ouest ont réagi médiocrement avec des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats disponibles (Tableau 3); il est donc proposé de mettre au point un nouveau virus vaccinal candidat dérivé d'une souche de type A/chicken/Ghana/20/2015.

Des virus du clade 2.3.4.4 ont été détectés chez des oiseaux aux USA, en Fédération de Russie, en République de Corée et au Viet Nam, ainsi que dans des prélèvements environnementaux, chez des oiseaux et chez des êtres humains en Chine. L'analyse phylogénétique du gène de l'hémagglutinine des virus identifiés aux USA, en Fédération de Russie, en République de Corée et au Viet Nam, ainsi que certains des virus détectés en Chine, a montré que ces virus étaient fortement apparentés à ceux qui avaient été caractérisés lors des périodes précédentes (Figure 2). Ainsi, ces virus ont bien réagi avec des antisérum de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats existants. Les séquences des gènes de l'hémagglutinine d'un nombre croissant de virus récemment isolés en Chine, y compris chez l'homme, se sont rapprochées et ont accumulé jusqu'à 13 substitutions d'acides aminés par rapport à la souche A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015, pour laquelle un virus vaccinal candidat a été proposé. Ces virus ont aussi médiocrement réagi avec des antisérum de furet postinfection dirigés contre les souches de type A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015, y compris A/Guangdong/99710/2014 et A/chicken Shenzhen/433/2013 (Tableaux 4 et 5); ainsi, il est proposé de préparer un nouveau virus vaccinal candidat à partir du virus A(H5N6) de type A/Hubei/29578/2016.

Table 3 Haemagglutination inhibition assays of influenza A(H5N1) clade 2.3.2.1c viruses

Tableau 3 Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.3.2.1c

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	RG30	BS/HK/1161	dk/VN/ 1584	BHK/ 16841	VM/HK/5052
A/Hubei/1/2010 (IDCDC-RG30)	2.3.2.1a	<b>80</b>	320	160	320	80
A/barn swallow/Hong Kong/1161/2010 (SJ003)	2.3.2.1b	< <sup>a</sup>	<b>320</b>	40	160	40
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 (NIBRG-301)	2.3.2.1c	160	320	<b>320</b>	320	80
A/Hong Kong/6841/2010	2.3.2.1c	10	160	80	<b>160</b>	40
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007 (SJRG-166615)	2.3.2.1	10	320	40	160	<b>160</b>
Test antigens – Antigènes d'épreuve						
A/guinea fowl/Côte d'Ivoire/Viro13-17/2016	2.3.2.1c	<	10	40	40	<
A/goose/Côte d'Ivoire/Viro12-38/2016	2.3.2.1c	<	20	160	160	10
A/chicken/Côte d'Ivoire/Viro232-5/2015	2.3.2.1c	<	10	40	40	10
A/chicken/Côte d'Ivoire/Viro225-71/2015	2.3.2.1c	<	<	40	40	<
A/chicken/Côte d'Ivoire/Viro152-83/2015	2.3.2.1c	<	<	20	10	<
A/guinea fowl/Ghana/2/2015	2.3.2.1c	<	20	80	80	10
A/chicken/Ghana/14/2015	2.3.2.1c	<	<	20	10	<
A/chicken/Ghana/20/2015	2.3.2.1c	<	<	<	10	10
A/chicken/Ghana/24/2015	2.3.2.1c	<	<	10	20	20
A/chicken/Ghana/46/2015	2.3.2.1c	<	10	80	40	<
A/rook/Chany/32/2015	2.3.2.1c	<	10	80	80	<
A/rook/Dovolnoe/50/2015	2.3.2.1c	<	<	40	20	<

<sup>a</sup> Represents a haemagglutination inhibition titre of <10. – Représente un titre d'inhibition de l'hémagglutination de <10.

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

## Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, new A/Hubei/29578/2016-like (2.3.4.4), A/chicken/Guiyang/1153/2016-like (2.3.2.1c) and A/chicken/Ghana/20/2015-like (2.3.2.1c) CVVs are proposed. The available and pending A(H5) CVVs are listed in Table 6. As the viruses continue to evolve, new A(H5) CVVs may be developed.

### (2) Influenza A(H7N9)

Influenza A(H7) viruses have been detected in poultry populations worldwide with the associated disease ranging from mild to severe. Human infections with avian influenza A(H7N9) viruses were first reported to WHO on 31 March 2013. A(H7N9) viruses are enzootic in poultry in China and re-assortment with A(H9N2) viruses has generated multiple genotypes.

#### Influenza A(H7N9) activity from 23 February 2016 to 26 September 2016

During this period, 77 human cases of avian influenza A(H7N9) virus infection in mainland China and Hong Kong Special Administrative Region of China were

## Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H5)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, de nouveaux virus vaccinaux candidats de types A/Hubei/29578/2016 (2.3.4.4), A/chicken/Guiyang/1153/2016 (2.3.2.1c) et A/chicken/Ghana/20/2015 (2.3.2.1c) sont proposés. Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles et en attente sont recensés dans le Tableau 6. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H5) pourraient être mis au point.

### 2) Grippe A(H7N9)

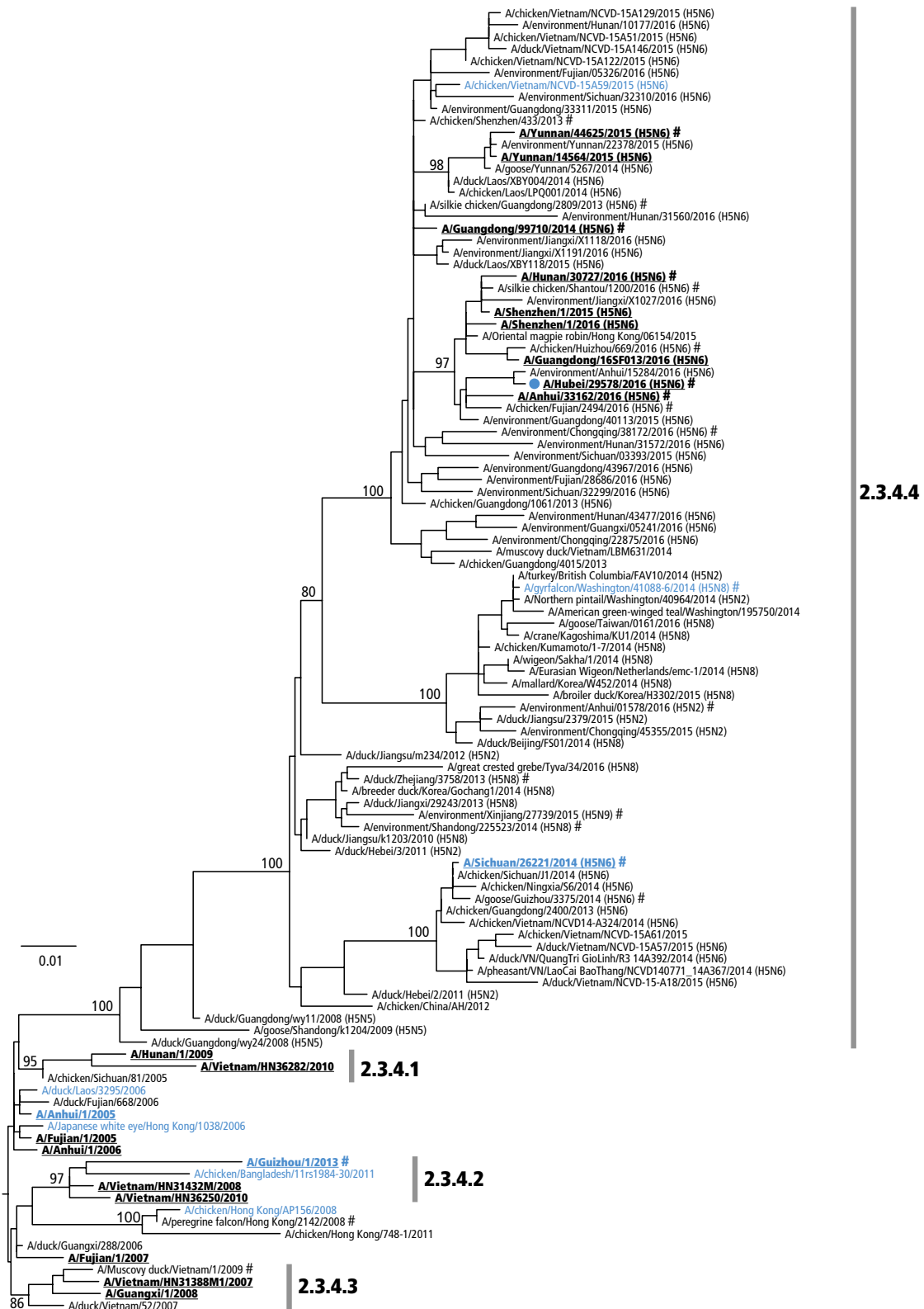
Des virus grippaux A(H7) ont été décelés dans des populations de volailles partout dans le monde, la gravité de la maladie associée variant de bénigne à sévère. Les premiers cas d'infection humaine par des virus grippaux aviaires A(H7N9) ont été notifiés à l'OMS le 31 mars 2013. Les virus A(H7N9) sont enzootiques parmi les volailles en Chine et présentent de nombreux génotypes résultant d'un réassortiment avec les virus A(H9N2).

#### Activité de la grippe A(H7N9) du 23 février 2016 au 26 septembre 2016

Pendant cette période, 77 cas d'infection humaine par le virus grippal aviaire A(H7N9) ont été notifiés à l'OMS par la Chine continentale et Hong Kong, Région administrative spéciale de

Figure 2 **Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.4 haemagglutinin genes**

Figure 2 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4**



The available candidate vaccine viruses (CVVs) appear in blue. The proposed CVV is indicated (\*); all human viruses are underlined and in bold font. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. NA subtypes other than N1 are specified. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en bleu. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (\*); tous les virus humains sont soulignés et indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les sous-types de NA autres que N1 sont spécifiés. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 4 **Haemagglutination inhibition assays of influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4 viruses**  
 Tableau 4 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.3.4.4**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	GZI	SC/ 26221	GD/ 99170	GR/ 41088-6
A/Guizhou/1/2013 RG35 (H5N1)	2.3.4.2	<b>320</b>	< <sup>a</sup>	<	<
A/Sichuan/26221/2014 RG42A (H5N6)	2.3.4.4	20	<b>160</b>	1280	40
A/Guangdong/99710/2014 (H5N6)	2.3.4.4	20	320	<b>1280</b>	<
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 RG43A (H5N8)	2.3.4.4	<	160	160	<b>80</b>
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/environment/Anhui/01578/2016 (H5N2)	2.3.4.4	<	<	160	<
A/environment/Chongqing/38172/2016 (H5N6)	2.3.4.4	<	320	1280	<
A/environment/Shandong/225523/14 (H5N8)	2.3.4.4	<	20	80	<
A/environment/Xinjiang/27739/2015 (H5N9)	2.3.4.4	<	40	320	<
A/Hubei/29578/2016 (H5N6)	2.3.4.4	<	<	<	<
A/Yunan/44625/2015 (H5N6)	2.3.4.4	<	<	20	<
A/Anhui/33162/2016 (H5N6)	2.3.4.4	<	<	<	<
A/Hunan/30727/2016 (H5N6)	2.3.4.4	<	80	80	<

<sup>a</sup> Represents a haemagglutination inhibition titre of <20. – Représente un titre d'inhibition de l'hémagglutination de <20.  
 Numbers in bold indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères gras indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Table 5 **Haemagglutination inhibition assays of influenza A(H5) clade 2.3.4.4 viruses**  
 Tableau 5 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4.4**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	Pf/HK/2142	MDk/VN/1	Gs/GY/ 3375	Dk/ZJ/ 3758	Sck/GD/2809	Ck/SZ/ 433
A/peregrine falcon/Hong Kong/2142/2008 (H5N1)	2.3.4	<b>640</b>	160	< <sup>a</sup>	<	<	<
A/muscovy duck/Viet Nam/1/2009 (H5N1)	2.3.4.3	160	<b>640</b>	<	<	<	<
A/goose/Guiyang/3375/2014 (H5N6)	2.3.4.4	20	<	<b>160</b>	40	40	10
A/duck/Zhejiang/3758/2013 (H5N8)	2.3.4.4	40	<	80	<b>320</b>	20	<
A/silkie chicken/Guangdong/2809/2013 (H5N6)	2.3.4.4	80	<	1280	160	<b>320</b>	80
A/chicken/Shenzhen/433/2013 (H5N6)	2.3.4.4	160	<	1280	160	160	<b>80</b>
Test antigens – Antigènes d'épreuve							
A/chicken/Huizhou/669/2016 (H5N6)	2.3.4.4	40	<	<	<	<	<
A/silkie chicken/Shantou/1200/2016 (H5N6)	2.3.4.4	40	<	10	<	<	<
A/chicken/Fujian/2494/2016 (H5N6)	2.3.4.4	10	<	10	10	<	<

<sup>a</sup> Represents a haemagglutination inhibition titre of <10. – Représente un titre d'inhibition de l'hémagglutination de <10.  
 Numbers in bold indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères gras indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

reported to WHO, bringing the total number of cases since 2013 to 798 with 320 deaths. Concomitant with control measures being implemented, including closure of some live poultry markets, human cases and virus detections in poultry were lower in this fourth wave of infection compared with the prior waves. Recent A(H7N9) viruses were genetically similar to those detected previously. Comparison of human and avian viruses using haemagglutination inhibition assays

la Chine, ce qui porte le nombre total de cas survenus depuis 2013 à 798, dont 320 mortels. Cette 4<sup>e</sup> vague, durant laquelle des mesures de lutte contre l'infection ont été mises en œuvre, notamment la fermeture de certains marchés de volailles vivantes, s'est caractérisée par un nombre moins important de cas chez l'homme et de détections de virus chez les volailles par rapport aux vagues précédentes. Les virus A(H7N9) récemment isolés étaient analogues, sur le plan génétique, à ceux détectés précédemment. La comparaison des virus humains et



Table 6 **Status of development of influenza A(H5) candidate vaccine virus**  
 Tableau 6 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)**

<b>Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats</b>	<b>Clade</b>	<b>Institution*</b>	<b>Available – Disponible</b>
A/Viet Nam/1203/2004 (CDC-RG; SJRG-161052)	1	CDC and SJCRH – CDC et 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/Cambodia/X0810301/2013 (IDCDC-RG34B)	1.1.2	CDC	Yes – Oui
A/duck/Hunan/795/2002 (SJRG-166614)	2.1.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/Indonesia/5/2005 (CDC-RG2)	2.1.3.2	CDC	Yes – Oui
A/Indonesia/NIHRD11771/2011 (NIIDRG-9)	2.1.3.2a	NIID	Yes – Oui
A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005 (SJRG-163222)	2.2	SJCRH/HKU	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/Egypt/N04915/2014 (NIBRG-306)	2.2.1.2	NIBSC	Yes – Oui
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007 (SJRG-166615)	2.3.2.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/Hubei/1/2010 (IDCDC-RG30)	2.3.2.1a	CDC	Yes – Oui
A/duck/Bangladesh/19097/2013 (SJ007)	2.3.2.1a	SJCRH	Yes – Oui
A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (SJ003)	2.3.2.1b	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 (NIBRG-301)	2.3.2.1c	NIBSC	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008 (SJ002)	2.3.4	SJCRH/HKU	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/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011 (IDCDC-RG36)	2.3.4.2	CDC	Yes – Oui
A/Guizhou/1/2013 (IDCDC-RG35)	2.3.4.2	CDC/CCDC	Yes – Oui
A/goose/Guiyang/337/2006 (SJRG-165396)	4	SJCRH/HKU	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
A/Sichuan/26221/2014 (IDCDC-RG42A) (H5N6)	2.3.4.4	CDC/CCDC	Yes – Oui
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (IDCDC-RG43A) (H5N8)	2.3.4.4	CDC	Yes – Oui
<b>Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation</b>	<b>Clade</b>	<b>Institution</b>	<b>Available – Disponible</b>
A/chicken/Guiyang/1153/2016-like	2.3.2.1c	SJCRH/HKU	Pending – En attente
A/chicken/Ghana/20/2015-like	2.3.2.1c	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015-like (H5N6)	2.3.4.4	SJCRH	Pending – En attente
A/Hubei/29578/2016-like (H5N6)	2.3.4.4	CCDC	Pending – En attente
A/environment/Hubei/950/2013	7.2	CDC/CCDC	Pending – En attente

\* Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; CDC/CCDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States/ Chinese Center for Disease Control and Prevention; FDA, Food and Drug Administration, United States; HKU: University of Hong Kong, Hong Kong, Special Administrative Region of China ; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; NIID, National Institute of Infectious Diseases, Japan; NIV, National Institute of Virology, India; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – 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/Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; HKU: Université de Hong Kong, Hong Kong, Région administrative spéciale de la Chine; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; NIV, National Institute of Virology, Inde; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

showed that the majority of those tested remained antigenically similar to A/Anhui/1/2013 and A/Shanghai/2/2013, from which CVVs have been developed.

### Influenza A(H7N9) candidate vaccine viruses

Based on the current epidemiologic and virologic data, no new A(H7N9) CVVs are proposed. Available A(H7N9) CVVs are shown in *Table 7*. As the viruses continue to evolve, new A(H7N9) CVVs may be developed.

### (3) 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 A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) and A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) lineages. Since 1998, when the first human infection was identified, the detection of A(H9N2) viruses from humans and swine has been reported infrequently. In most human cases the associated influenza-like symptoms have been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

#### Influenza A(H9N2) activity from 23 February 2016 to 26 September 2016

Six human cases of A(H9) infection have been identified in this period, 5 from China and 1 from Egypt. A further 3 cases, 1 with a fatal outcome, were identified from China but had dates of disease onset prior to this reporting period. The A(H9N2) viruses from China were genetically and antigenically similar to Y280-lineage A(H9N2) viruses known to circulate in birds and they reacted well to post-infection ferret antisera raised against available CVVs. No genetic or antigenic data are

aviaires à l'aide d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination a montré que la plupart des virus testés demeuraient analogues, du point de vue antigénique, aux souches de types A/Anhui/1/2013 et A/Shanghai/2/2013 ayant servi à la préparation de virus vaccinaux candidats.

### Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H7N9)

Au vu des données épidémiologiques et virologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H7N9) n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H7N9) disponibles sont présentés dans le *Tableau 7*. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H7N9) pourraient être mis au point.

### 3) Grippe A(H9N2)

Les virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques dans les populations de volailles de certaines parties d'Afrique, d'Asie et du Moyen-Orient. La majorité des virus qui ont été séquencés appartiennent aux lignées A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) et A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9). Depuis 1998, date de la détection du premier cas d'infection humaine, les virus A(H9N2) n'ont que rarement été isolés chez l'homme ou chez le porc. Dans tous les cas connus chez l'homme, les symptômes de type grippal associés à l'infection ont été bénins et aucune transmission interhumaine n'a été mise en évidence.

#### Activité de la grippe A(H9N2) du 23 février 2016 au 26 septembre 2016

Six cas humains d'infection par le virus A(H9N2) ont été identifiés pendant cette période, dont 5 en Chine et 1 en Égypte. Trois autres cas, dont 1 mortel, ont également été décelés en Chine, mais avec une date d'apparition de la maladie qui précède la période du présent rapport. Sur les plans génétique et antigénique, les virus A(H9N2) isolés en Chine étaient analogues aux virus A(H9N2) de la lignée Y280 circulant chez les oiseaux. Ils ont bien réagi avec des antisérums de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats disponibles.

Table 7 **Status of development of influenza A(H7N9) candidate vaccine virus**

Tableau 7 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7N9)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*	Available – Disponible
A/Anhui/1/2013 (IDCDC-RG33A)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (NIBRG-268)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (NIIDRG-10.1)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (SJ005)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (NIBRG-267)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (CBER-RG4A)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (IDCDC-RG32A)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (IDCDC-RG32A.3)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui

\* **Institutions distributing the candidate vaccine viruses:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; FDA, Food and Drug Administration, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; NIID, National Institute of Infectious Diseases, Japan; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – **Institutions distributing the virus vaccine candidates:** 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 du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

available for the A(H9) virus detected in Egypt but A(H9N2) viruses isolated from poultry in Egypt react well with post-infection ferret antiserum raised against A/Bangladesh/0994/2011 from which a CVV has been developed. A(H9N2) viruses from birds were characterized from a number of other countries, with most being similar to those detected in previous periods.

#### Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available A(H9N2) CVVs are listed in *Table 8*. As the viruses continue to evolve, new A(H9N2) CVVs may be developed.

#### (4) Influenza A(H1N2) variants (v)<sup>4</sup>

Influenza A(H1N2) 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.

#### Influenza A(H1N2)v activity from 23 February 2016 to 26 September 2016

Three non-fatal A(H1N2)v human cases were detected in the USA from March to June in patients with reported exposure to swine. The HA from 1 virus belonged to the classical swine “alpha” lineage of swine influenza viruses.<sup>5</sup> The other 2 viruses had HA gene segments that belonged to the “delta 1” lineage of swine influenza viruses, which were derived from seasonal A(H1N1) human viruses of the early 2000s. Each of the 3 variant viruses had genome compositions closely related to those identified in circulating swine viruses.

All 3 A(H1N2)v viruses reacted poorly to post-infection ferret antiserum generated against available CVVs includ-

On ne dispose d'aucune donnée génétique ou antigénique sur le virus A(H9N2) détecté en Égypte, mais les virus A(H9N2) isolés chez les volailles dans ce pays ont bien réagi avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche A/Bangladesh/0994/2011 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat. Des virus A(H9N2) isolés chez les oiseaux dans plusieurs autres pays ont été caractérisés et la plupart se sont avérés analogues à ceux des périodes précédentes.

#### Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H9N2)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles sont recensés dans le *Tableau 8*. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H9N2) pourraient être mis au point.

#### 4) Variants du virus grippal A(H1N2) (v)<sup>4</sup>

Des virus grippaux A(H1N2) circulent dans les populations porcines de nombreuses régions du monde. Les caractéristiques génétiques de ces virus diffèrent selon l'emplacement géographique. Des infections humaines par les virus porcins A(H1) sont observées depuis de nombreuses années.

#### Activité de la grippe A(H1N2)v du 23 février 2016 au 26 septembre 2016

Entre mars et juin, 3 cas non mortels d'infection humaine par un virus A(H1N2)v ont été détectés aux USA chez des patients indiquant qu'ils avaient été exposés à des porcs. Le gène de l'hémagglutinine de l'un de ces virus appartenait à la lignée porcine «alpha» classique,<sup>5</sup> tandis que les gènes de l'hémagglutinine des 2 autres virus présentaient des séquences appartenant à la lignée «delta 1» des virus grippaux porcins, dérivée des virus humains A(H1N1) saisonniers du début des années 2000. Chacun des 3 variants avait une composition génomique étroitement apparentée à celle des virus porcins en circulation.

Les 3 virus A(H1N2)v ont tous médiocrement réagi avec des antisérums de furet postinfection dirigés contre les virus vacci-

Table 8 **Status of development of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus**

Tableau 8 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Clade	Institution*	Available – Disponible
A/Hong Kong/1073/1999	Wild type – Type sauvage	G1	NIBSC	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (NIBRG-91)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	NIBSC	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (IBCDC-2)	Conventional – Classique	Y280/G9	CDC	Yes – Oui
A/Hong Kong/33982/2009 (IDCDC-RG26)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes – Oui
A/Bangladesh/994/2011 (IDCDC-RG31)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes – Oui
A/Hong Kong/308/2014 (SJ008)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	SJCRH	Yes – Oui

\* Institutions distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – Institutions distribuant les virus vaccinaux candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

<sup>4</sup> See [http://www.who.int/influenza/gisrs\\_laboratory/terminology\\_variant/en/](http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/)

<sup>4</sup> Voir [http://www.who.int/influenza/gisrs\\_laboratory/terminology\\_variant/en/](http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/)

<sup>5</sup> See <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/zph.12049/pdf>

<sup>5</sup> Voir <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/zph.12049/pdf>

ing those derived from A/California/7/2009 [A(H1N1)pdm09] and A/Ohio/09/2015 [A(H1N1)v] and to a post-infection ferret antiserum generated against A/Brisbane/59/2007 [A(H1N1)]. Reactivity to pooled human sera collected post-vaccination with the 2015–2016 northern hemisphere seasonal vaccine was also reduced for all 3 viruses and further evaluation of individual serum samples is underway to better determine the level of population immunity to these viruses and, correspondingly, the need for additional CVVs.

One non-fatal A(H1N2)v human case was detected retrospectively in Brazil with onset of disease in November 2015 and no known exposure to swine. The HA and NA genes of this virus were similar to those of viruses isolated from swine in Brazil in recent years. The remaining genes were all of A(H1N1)pdm09 origin. Viruses with this genomic composition have been detected in swine in Brazil. The virus was not recovered from the clinical specimen.

#### Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new A(H1)v CVVs are proposed. The available A(H1)v CVVs are listed in *Table 9*. As the viruses continue to evolve and as new data are generated, new A(H1)v CVVs may be developed.

#### (5) Influenza A(H3N2)v

Influenza A(H3N2) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on geographic location, the genetic and antigenic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine influenza A(H3N2) viruses have been documented in Asia, Europe and North America.<sup>6</sup>

naux candidats disponibles, y compris ceux dérivés des souches A/California/7/2009 [A(H1N1)pdm09] et A/Ohio/09/2015 [A(H1N1)v], ainsi qu'avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche A/Brisbane/59/2007 [A(H1N1)]. Ces 3 virus présentaient également une réactivité réduite vis-à-vis d'échantillons groupés de sérum humain recueillis après vaccination par le vaccin antigrippal saisonnier 2015–2016 de l'hémisphère Nord. Une analyse plus détaillée des échantillons sériques individuels est en cours pour estimer de manière plus précise le degré d'immunité de la population à l'égard de ces virus et déterminer si de nouveaux virus vaccinaux candidats devraient être mis au point.

Un cas non mortel d'infection humaine par le virus A(H1N2)v a été détecté rétrospectivement au Brésil. L'apparition de la maladie datait de novembre 2015, sans exposition connue aux porcs. Les gènes HA et NA de ce virus étaient analogues à ceux de virus isolés dans la population porcine au Brésil ces dernières années. Les autres gènes étaient tous originaires de la souche A(H1N1)pdm09. Des virus présentant cette composition génomique ont été détectés chez des porcs au Brésil. Le virus responsable de ce cas n'a pas été isolé à partir de l'échantillon clinique.

#### Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H1)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H1)v n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H1)v disponibles sont recensés dans le *Tableau 9*. À mesure que ces virus continuent d'évoluer et que de nouvelles données deviennent disponibles, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H1)v pourraient être mis au point.

#### 5) Grippe A(H3N2)v

Les virus grippaux A(H3N2) sont enzootiques dans les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus diffèrent selon l'emplacement géographique. Des infections humaines par des virus porcins A(H3N2) ont été signalées en Asie, en Europe et en Amérique du Nord.<sup>6</sup>

Table 9 **Status of development of influenza A(H1N1)v candidate vaccine virus**

Tableau 9 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H1N1)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*
A/Ohio/9/2015 (IDCDC-RG48A)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC
A/Hunan/42443/2015 (CNIC-1601)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CCDC
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Institution
A/Hunan/42443/2015-like – Analogue à A/Hunan/42443/2015	Conventional reassortant – Réassorti classique	NIBSC

\* Institution distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; CCDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States/Chinese Center for Disease Control and Prevention; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England. – Institution distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; CCDC, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Angleterre.

<sup>6</sup> See <http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V19N18/art20793.pdf>

<sup>6</sup> Voir <http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V19N18/art20793.pdf>

## Influenza A(H3N2)v activity from 23 February 2016 to 26 September 2016

A total of 18 human cases of A(H3N2)v virus infections were detected in the USA in July and August. All cases reported exposure to swine while attending agricultural fairs. No human-to-human transmission was identified. Of these individuals, 16 were aged <18 years with 7 aged <5 years. Although 1 person with an underlying condition was hospitalized for 2 days, all cases eventually recovered. All A(H3N2)v viruses were closely related to A(H3N2) viruses currently circulating in swine populations in the USA. Of the A(H3N2)v viruses 16 had HA genes belonging to the seasonal human-like lineage of swine influenza virus that was likely introduced to swine in 2010 or 2011. The remaining 2 A(H3N2)v viruses had HA genes that belonged to the IV-A lineage of swine influenza viruses (*Figure 3*).

The seasonal human-like A(H3N2)v viruses were poorly inhibited by post-infection antisera raised against earlier IV-A lineage viruses and available CVVs. Post-infection ferret antisera raised against previous seasonal human A(H3N2) viruses also poorly inhibited these viruses. The viruses did, however, react well with pooled adult and, to a lesser extent, paediatric human sera from persons immunized with the 2015–2016 northern hemisphere seasonal vaccine. The 2 A(H3N2)v IV-A lineage viruses were well inhibited with post-infection ferret antisera raised against available CVVs (*Table 10*).

One non-fatal human case of A(H3N2)v virus infection was retrospectively detected in Viet Nam. The case had onset of disease in June 2015 with unknown exposure history. This virus was genetically related to viruses circulating in Vietnamese swine with HA gene segments being derived from human seasonal A(H3N2) viruses circulating in humans during 2003–2004.

## Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, a new A/Ohio/28/2016-like A(H3N2)v CVV is proposed. The available A(H3N2)v CVVs are listed in *Table 11*. As the viruses continue to evolve and as new data are generated, new A(H3N2)v CVVs may be developed.

## Acknowledgements

We acknowledge the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) which provides the mechanism for detecting and monitoring emerging zoonotic influenza viruses. We thank the National Influenza Centres of GISRS who contributed information, clinical specimens and viruses, and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for their in-depth characterization and comprehensive analysis of viruses; and WHO H5 Reference Laboratories for their complementary analyses. We thank the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU) and other

## Activité de la grippe A(H3N2)v du 23 février 2016 au 26 septembre 2016

En juillet et août, 18 cas d'infection humaine par un virus A(H3N2)v ont été détectés aux USA. Toutes les personnes infectées ont signalé qu'elles avaient été exposées à des porcs lors de foires agricoles. Aucune transmission interhumaine n'a été identifiée. Parmi ces cas, 16 étaient âgés de <18 ans, dont 7 enfants de <5 ans. L'une des personnes infectées, qui présentait une affection sous-jacente, a été hospitalisée pendant 2 jours, mais tous les cas ont fini par se rétablir. Tous les virus A(H3N2)v étaient étroitement apparentés aux virus A(H3N2) actuellement en circulation dans les populations porcines des USA. Parmi les virus A(H3N2)v identifiés, 16 avaient des gènes de l'hémagglutinine appartenant à la lignée des virus grippaux porcins analogues aux virus humains saisonniers, probablement introduits dans la population porcine en 2010 ou 2011. Les gènes de l'hémagglutinine des 2 autres virus A(H3N2)v appartenaient à la lignée IV-A des virus grippaux porcins (*Figure 3*).

Les virus A(H3N2)v de type humain saisonnier étaient mal inhibés par les antisérums postinfection dirigés contre les virus de la lignée IV-A antérieure et contre les virus vaccinaux candidats disponibles. L'inhibition de ces virus par des antisérums de furet postinfection dirigés contre des virus A(H3N2) humains saisonniers antérieurs était également médiocre. En revanche, ces virus présentaient une bonne réactivité vis-à-vis d'échantillons groupés de sérum humain recueillis chez des adultes et, dans une moindre mesure, chez des enfants ayant reçu le vaccin contre la grippe saisonnière 2015-2016 de l'hémisphère Nord. Les 2 virus A(H3N2)v de la lignée IV-A étaient bien inhibés par des antisérums de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats disponibles (*Tableau 10*).

Un cas non mortel d'infection humaine par un virus A(H3N2)v a été détecté rétrospectivement au Viet Nam. L'apparition de la maladie datait de juin 2015 et les antécédents d'exposition étaient inconnus. Ce virus était génétiquement apparenté aux virus en circulation dans la population porcine du Viet Nam, avec des séquences du gène de l'hémagglutinine dérivées des virus A(H3N2) humains saisonniers qui circulaient chez l'homme en 2003-2004.

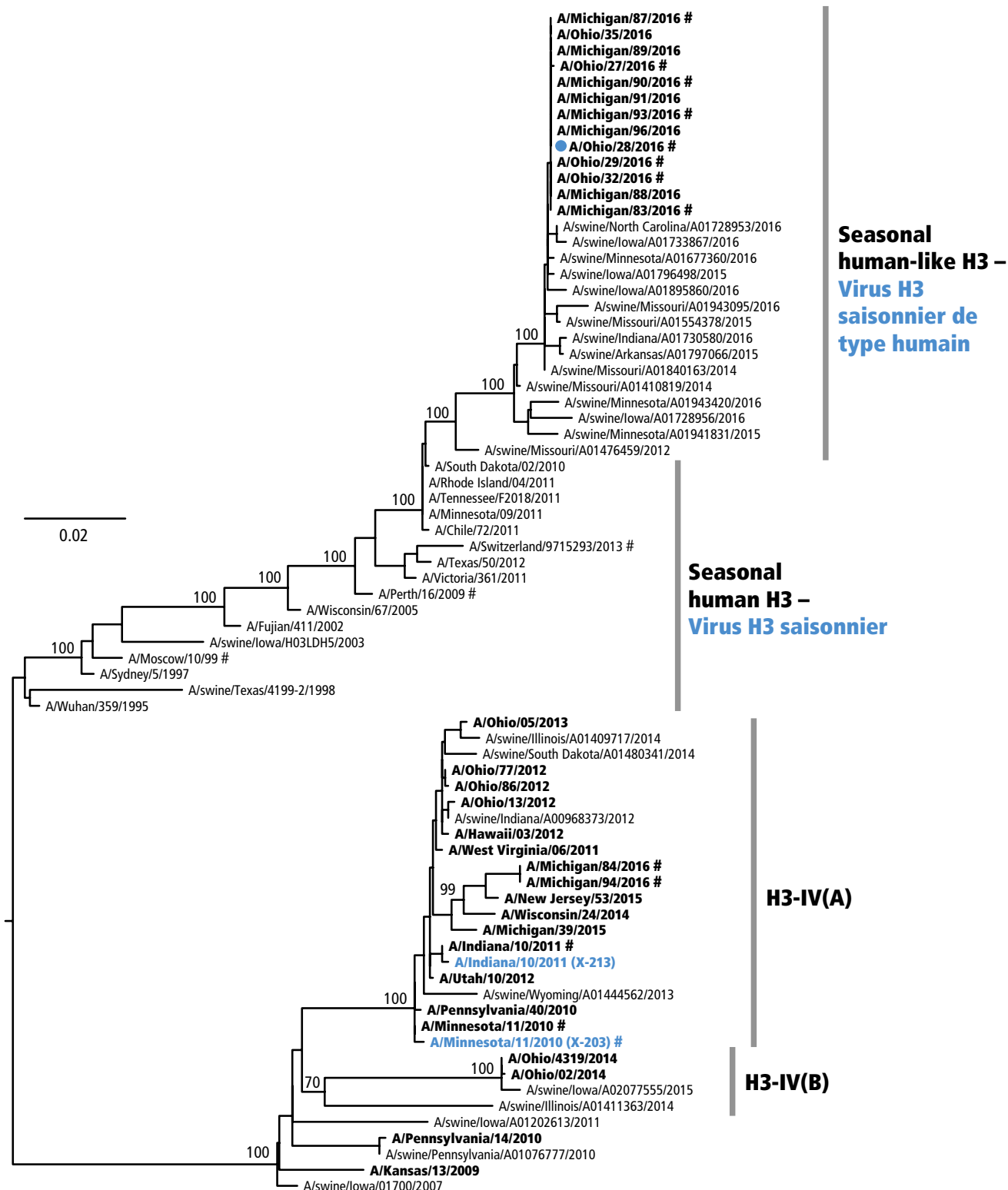
## Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H3N2)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, un nouveau virus vaccinal candidat A(H3N2)v de type A/Ohio/28/2016 est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N2)v disponibles sont recensés dans le *Tableau 11*. À mesure que ces virus continuent d'évoluer et que de nouvelles données deviennent disponibles, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H3N2)v pourraient être mis au point.

## Remerciements

Nous saluons la contribution du système mondial de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS) de l'OMS, qui offre un moyen de détecter et de surveiller les virus grippaux zoonotiques émergents. Nous remercions également: les centres nationaux de lutte contre la grippe du GISRS qui ont fourni des informations, des échantillons cliniques, des virus et d'autres données associées; les centres collaborateurs de l'OMS pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus; et les laboratoires de référence H5 de l'OMS pour leurs études complémentaires. Nous sommes reconnaissants au Réseau d'experts sur la grippe animale (OFFLU) de l'OIE/FAO, ainsi qu'à

Figure 3 **Phylogenetic relationships of A(H3) haemagglutinin genes**  
 Figure 3 **Liens phylogénétiques entre les gènes de l'hémagglutinine des virus A(H3)**



The available candidate vaccine viruses (CVVs) appear in blue. The proposed CVV is indicated (\*). The viruses A(H3N2)v are underlined and in **bold font**. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en bleu. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (\*). Les virus A(H3N2)v sont soulignés et indiqués en **caractères gras**. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 10 **Haemagglutination inhibition assays of A(H3N2)v viruses**  
 Tableau 10 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination par des virus A(H3N2)v**

Test antigens – Antigènes d'épreuve	H3N2 clade	MOS/99	Perth/09	SWITZ	IN/10	MN/11	MN/11 X-203	Child pool* – Échantillons groupés, enfants	Adult pool* – Échantillons groupés, adultes
A/Moscow/10/99	Seasonal – Saisonnier	<b>1280</b>	10	< <sup>a</sup>	20	10	<	<	160
A/Perth/16/2009	Seasonal – Saisonnier	10	<b>640</b>	10	10	10	<	640	640
A/Switzerland/9715293/2013	Seasonal – Saisonnier	10	10	<b>640</b>	20	10	<	640	320
A/Indiana/10/2011	IV-A	10	<	10	<b>2560</b>	2560	1280	80	320
A/Minnesota/11/2010	IV-A	10	<	20	1280	<b>2560</b>	1280	80	640
A/Minnesota/11/2010 X-203	IV-A	10	80	<	320	640	<b>2560</b>	40	40
<b>Reference antigens – Antigènes de référence</b>									
A/Ohio/27/2016	human-like – Type humain	20	80	40	160	40	<	160	1280
A/Ohio/28/2016	human-like – Type humain	20	80	40	160	10	<	320	1280
A/Ohio/29/2016	human-like – Type humain	20	40	40	160	10	<	320	1280
A/Ohio/32/2016	human-like – Type humain	20	40	40	80	10	<	160	640
A/Michigan/83/2016	human-like – Type humain	20	40	40	80	80	40	160	1280
A/Michigan/87/2016	human-like – Type humain	20	80	40	320	160	160	160	2560
A/Michigan/90/2016	human-like – Type humain	20	80	40	160	80	80	160	1280
A/Michigan/93/2016	human-like – Type humain	10	20	10	80	10	<	160	640
A/Michigan/84/2016	IV-A	20	<	10	1280	1280	640	80	320
A/Michigan/94/2016	IV-A	20	10	10	1280	1280	640	80	320

\* Post-vaccination human serum pool – Pools de sérums humains postvaccination

<sup>a</sup> Represents a haemagglutination inhibition titre of <10. – Représente un titre d'inhibition de l'hémagglutination de <10.

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

Table 11 **Status of development of influenza A(H3N2)v candidate vaccine virus**  
 Tableau 11 **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/Indiana/10/2011 (NYMC X-213)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Institution*
A/Ohio/28/2016-like – Analogue à A/Ohio/28/2016	Conventional reassortant and reverse genetics – Réassorti classique et Génétique inverse	Ni BGC CDC

\* Institution distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England.– Institution distribuant les virus vaccins candidats: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre.

national institutions for contributing information and viruses. We also acknowledge the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAI) for the EpiFlu database and other sequence databases which were used to share gene sequences and associated information. ■

d'autres institutions nationales, pour les informations et les virus qu'ils ont fournis. Enfin, nous tenons à remercier l'Initiative mondiale d'échange de données sur la grippe aviaire (GISAI) pour la base EpiFlu et d'autres bases de données qui ont permis le partage des séquences génétiques et d'autres informations associées. ■

## Monthly report on dracunculiasis cases, January–August 2016

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 2016

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 <sup>a</sup> – Date de réception du rapport <sup>a</sup>	Total no. of rumours <sup>b</sup> of suspected dracunculiasis cases in 2016 – Nombre total de rumeurs <sup>b</sup> de cas suspects de dracunculose en 2016	No. of new dracunculiasis cases reported in 2016 <sup>c</sup> – Nombre de nouveaux cas de dracunculose signalés en 2016 <sup>c</sup>										Total	Total no. of reported cases for the same months of 2015 – Nombre total de cas signalés pour les mêmes mois en 2015	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	2016	2015					
<b>Endemic countries – Pays d'endémie</b>																	
Chad – Tchad	NR	1297	0	1	0	1	1	1	1	2	1	7	8	7	8	August 2016 – Août 2016	
Ethiopia – Éthiopie	23 Sept. 2016 – 23 sept. 2016	6265	0	0	0	0	1	1	0	0	2	2	2	2	2	June 2016 – Juin 2016	
Mali	24 Sept. 2016 – 24 sept. 2016	244	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	Nov. 2015 – Nov. 2015	
South Sudan – Soudan du Sud	30 Sept. 2016 – 30 sept. 2016	7837	0	0	0	0	0	0	4	0	0	4	4	2	4	June 2016 – Juin 2016	
<b>Precertification countries – Pays au stade de la précertification</b>																	
Kenya	28 Sept. 2016 – 28 sept. 2016	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Oct. 1994 – Oct. 1994	
Sudan – Soudan	NR	11	0	0	0	0	0	0	0	ND	ND	0	0	0	0	Sept. 2013 – Sept. 2013	
<b>Total</b>		<b>15 690</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>13</b>	<b>15</b>	<b>11</b>	<b>15</b>			

Source: Ministries of Health – Ministères de la Santé.

<sup>a</sup> Each monthly report is due by the 20th of the following month. – Chaque rapport mensuel est attendu pour le 20 du mois suivant.

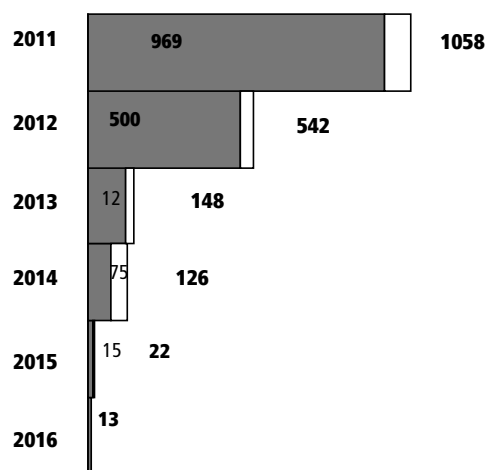
<sup>b</sup> Rumour of dracunculiasis. Information about an alleged case of dracunculiasis (Guinea-worm disease) obtained from any source (informants). – Rumeur de dracunculose. Information au sujet d'un cas présumé de dracunculose (maladie du ver de Guinée) obtenue à partir de n'importe quelle source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

<sup>c</sup> 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.

NR: No report received on surveillance indicator. – Aucun rapport reçu sur les indicateurs de la surveillance.

ND: Data not available. – Pas de données disponibles.

### Number of dracunculiasis cases reported worldwide, 2011–2016 – Nombre de cas de dracunculose signalés dans le monde, 2011-2016



The shaded portion indicates the number of dracunculiasis cases reported for the same month in 2016. – La portion colorée indique le nombre de cas de dracunculose signalés pour le même mois en 2016.

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.