



Contents

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

Sommaire

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

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

February 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 often evolve both genetically and antigenically, leading to the need for CVVs for pandemic preparedness purposes. Changes in the genetic and antigenic characteristics of these viruses relative to existing CVVs, and the potential risks for 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 animals¹ that are relevant for CVV updates. Institutions interested in receiving these CVVs should contact WHO at gisrs-whohq@who.int or

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

Février 2016

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

La sélection et la mise au point de virus vaccinaux candidats représentent les premières étapes vers une production en temps utile des vaccins; mais cela n'implique pas qu'il soit recommandé d'en démarrer la fabrication. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs des virus vaccinaux candidats pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres activités de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique.

Des virus grippaux zoonotiques continuent d'être identifiés, présentant souvent une évolution à la fois génétique et antigénique, ce qui impose d'étendre la liste des virus vaccinaux candidats destinés à 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 rapport récapitule les caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques récemment isolés et des virus apparentés circulant chez les animaux¹ qui présentent un intérêt pour la mise à jour des virus vaccinaux candidats. Les institutions souhaitant recevoir ces virus vaccinaux candi-

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

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

03.2016
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

¹ For information relevant to other notifiable influenza virus infections in animals refer to http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home

¹ 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

the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

(1) Influenza A(H5)

Since their re-emergence in 2003, highly pathogenic avian influenza A(H5N1) 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 substitutions of the N1 gene for N2, N3, N6, N8 or N9 genes, 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 22 September 2015 to 22 February 2016

A(H5) human infections have been reported to WHO by Bangladesh (1 case) and China (6 cases) where A(H5) infections have also been detected in birds. The human infection in Bangladesh and one of those in China were caused by A(H5N1) viruses; the remainder of the infections were caused by A(H5N6) viruses. A(H5) viruses were detected in birds in Bangladesh, Cambodia, China, Côte d'Ivoire, Egypt, Ghana, Hong Kong Special Administrative Region of China, India, Lao People's Democratic Republic, Nigeria, Republic of Korea 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 Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions.³

Viruses circulating and characterized from 22 September 2015 to 22 February 2016 belonged to the following clades.

Clade 2.2.1.2 viruses were detected in poultry in Egypt. The viruses were genetically similar to viruses detected in previous periods. Antigenic data for these viruses are being generated.

Clade 2.3.2.1a viruses were detected in birds and in a human in Bangladesh and in birds in India. The HA genes of the viruses from Bangladesh were similar to

autres devront prendre contact avec l'OMS, à l'adresse gisrs-who@who.int, ou avec les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

1) Grippe A(H5)

Depuis leur réémergence en 2003, des virus de la grippe aviaire A(H5N1) 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 les plans génétiques et antigéniques, notamment par l'apparition de virus porteurs d'une substitution du gène N1 par un gène N2, N3, N6, N8 ou N9, d'où la nécessité 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 22 septembre 2015 au 22 février 2016

Des infections humaines par les virus A(H5) ont été notifiées à l'OMS par le Bangladesh (1 cas) et la Chine (6 cas), où des infections par les virus A(H5) ont également été détectées chez des oiseaux. Le cas d'infection humaine au Bangladesh, ainsi que l'un des cas signalés en Chine, étaient dus aux virus A(H5N1), les autres cas étant tous imputables aux virus A(H5N6). Des virus A(H5) ont été détectés chez des oiseaux dans les pays et territoires suivants: Bangladesh, Cambodge, Chine, Côte d'Ivoire, Égypte, Ghana, Hong Kong (région administrative spéciale de la Chine), Inde, Nigéria, République de Corée, République démocratique populaire lao 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.³

Les virus circulants qui ont été caractérisés entre le 22 septembre 2015 et le 22 février 2016 appartenaient aux clades suivants.

Clade 2.2.1.2 Des virus de ce clade ont été identifiés chez des volailles en Égypte. Ils étaient génétiquement analogues aux virus qui avaient été détectés au cours des périodes précédentes. Les données antigéniques relatives à ces virus sont en train d'être produites.

Clade 2.3.2.1a Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux et chez un être humain au Bangladesh, ainsi que chez des oiseaux en Inde. Les gènes de l'hémagglutinine des virus

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

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

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

³ 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/source – Hôte/Source	Genetic clade – Clade génétique
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.2.1a
	Human (1) ^a – Humain (1) ^a	2.3.2.1a
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
China – Chine	Poultry/environmental – Volaille/Environnemental Human (6) ^b – Humain (6) ^b	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/N2/N6/N8), 2.3.4.4 (H5N6), unknown (H5N1) – 2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/N2/N6/N8), 2.3.4.4 (H5N6), non connu (H5N1)
China, Hong Kong Special Administrative Region – Chine, Région administrative spéciale de Hong Kong	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N6)
Côte d'Ivoire	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Egypt – Égypte	Poultry – Volaille	2.2.1.2
Ghana	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
India – Inde	Poultry – Volaille	2.3.2.1a
Lao People's Democratic Republic – République démocratique populaire lao	Poultry – Volaille	2.3.4.4 (H5N6)
Nigeria – Nigéria	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Republic of Korea – République de Corée	Poultry – Volaille	2.3.4.4 (H5N8)
Viet Nam	Poultry – Volaille	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N6)

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

those previously characterized and the majority of the avian viruses reacted well with ferret antiserum raised against A/duck/Bangladesh/19097/2013 for which a CVV has been developed. No virus isolate is available from the human infection. The HA gene of the virus from India was genetically distinct; no antigenic data are available for this virus and the extent to which similar viruses circulate is unknown.

Clade 2.3.2.1c viruses were detected in birds in Cambodia, China, Côte d'Ivoire, Ghana, Nigeria and Viet Nam. The HA genes from these viruses were similar to those of viruses previously detected. The viruses from south-east Asia remained antigenically similar to A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 from which a CVV has been developed. The HA genes of the viruses from Africa and from viruses detected in wild birds in China have accumulated a number of amino acid substitutions relative to A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012. Characterization of the African viruses is ongoing to determine whether these genetic differences are associated with an antigenic change. No information was available for recent viruses from Indonesia.

Clade 2.3.4.4 viruses were detected in birds in Lao People's Democratic Republic, Republic of Korea and Viet Nam, and in birds, environmental samples and humans in China. There was considerable genetic heterogeneity among the HA genes of these viruses (*Figure 1*) and some, including recent A(H5N6) viruses

identifiés au Bangladesh étaient analogues à ceux des virus précédemment caractérisés, et la majorité des virus aviaires ont bien réagi avec un antisérum de furet dirigé contre la souche A/duck/Bangladesh/19097/2013 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat. On ne dispose d'aucun isolat du virus responsable du cas humain. Le gène de l'hémagglutinine du virus détecté en Inde était génétiquement distinct; aucune donnée antigénique n'est disponible pour ce virus et on ne sait pas dans quelle mesure des virus similaires circulent actuellement.

Clade 2.3.2.1c Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux au Cambodge, en Chine, en Côte d'Ivoire, au Ghana, au Nigéria et au Viet Nam. Les gènes de l'hémagglutinine de ces virus étaient analogues à ceux des virus précédemment détectés. Les virus identifiés en Asie du Sud-Est demeuraient analogues, sur le plan antigénique, à la lignée A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat. Les gènes de l'hémagglutinine des virus identifiés en Afrique, ainsi que des virus détectés chez des oiseaux sauvages en Chine, ont accumulé un certain nombre de substitutions d'acides aminés par rapport à la souche A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012. La caractérisation des virus africains, actuellement en cours, permettra de déterminer si ces différences génétiques sont associées à une évolution antigénique. On ne dispose d'aucune information sur les virus récemment isolés en Indonésie.

Clade 2.3.4.4 Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux en République de Corée, en République démocratique populaire lao et au Viet Nam, ainsi que chez des oiseaux, dans des échantillons environnementaux et chez des êtres humains en Chine. Les gènes de l'hémagglutinine de ces virus présentaient une hétérogénéité génétique considérable (*Figure 1*) et certains de ces

from Viet Nam, reacted poorly with post-infection ferret antiserum raised to the CVVs developed from A/Sichuan/26221/2014 (H5N6) and A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (H5N8) (Table 2).

Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, a new A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015-like CVV is proposed. The available and pending A(H5) CVVs are listed in Table 3. 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.

Influenza A(H7N9) activity from 22 September 2015 to 22 February 2016

During this period, 44 human cases of avian influenza A(H7N9) virus infection were reported to WHO, all from China, bringing the total number of cases to 721 with 286 deaths⁴ reported. Recent A(H7N9) viruses were

virus, notamment les virus A(H5N6) récemment isolés au Viet Nam, n'ont pas bien réagi avec des antisérums de furet postinfection dirigés contre les souches A/Sichuan/26221/2014 (H5N6) et A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (H5N8) (Tableau 2).

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

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, un nouveau virus vaccinal candidat de type A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015 est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles et en attente de décision sont recensés dans le Tableau 3. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H5) pourraient être préparés.

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.

Activité de la grippe A(H7N9) du 22 septembre 2015 au 22 février 2016

Pendant cette période, 44 cas humains d'infection par un virus grippal aviaire A(H7N9) ont été notifiés à l'OMS, tous par la Chine, ce qui porte le nombre total de cas à 721, dont 286 mortels.⁴ Les virus A(H7N9) récemment isolés étaient

Table 2 Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5N6) viruses

Tableau 2 Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N6)

Reference antigens – Antigènes de référence	Subtype – Sous-type	AN/1	GZ/1 RG35	ck/HK	SH/26221 RG42A	VN/ A324	gyr/WA RG43A
A/Anhui/1/2005	H5N1	1280	80	40	< ^a	<	<
A/Guizhou/1/2013 IDCCD-RG35	H5N1	160	160	20	<	<	<
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008	H5N1	40	20	80	<	<	<
A/Sichuan/26221/2014 IDCCD-RG42A	H5N6	<	<	<	320	160	40
A/chicken/Viet Nam/NCVD-14-A324/2014	H5N6	<	<	<	160	160	<
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/14 IDCCD-RG43A	H5N8	<	<	<	160	80	640
Test antigens – Antigènes d'épreuve							
A/duck/Laos/XBY118/2015	H5N6	<	<	<	160	160	320
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A51/2015	H5N6	<	<	<	40	20	<
A/duck/Viet Nam/NCVD-15A52/2015	H5N6	<	<	<	10	<	<
A/duck/Viet Nam/NCVD-15A57/2015	H5N6	<	<	<	160	160	80
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015	H5N6	<	<	10	80	80	20
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A61/2015	H5N6	<	<	<	40	40	<
A/duck/Viet Nam/NCVD-15A74/2015	H5N6	<	<	<	20	20	<
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A122/2015	H5N6	<	<	<	20	20	<
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A129/2015	H5N6	<	<	<	20	20	<

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

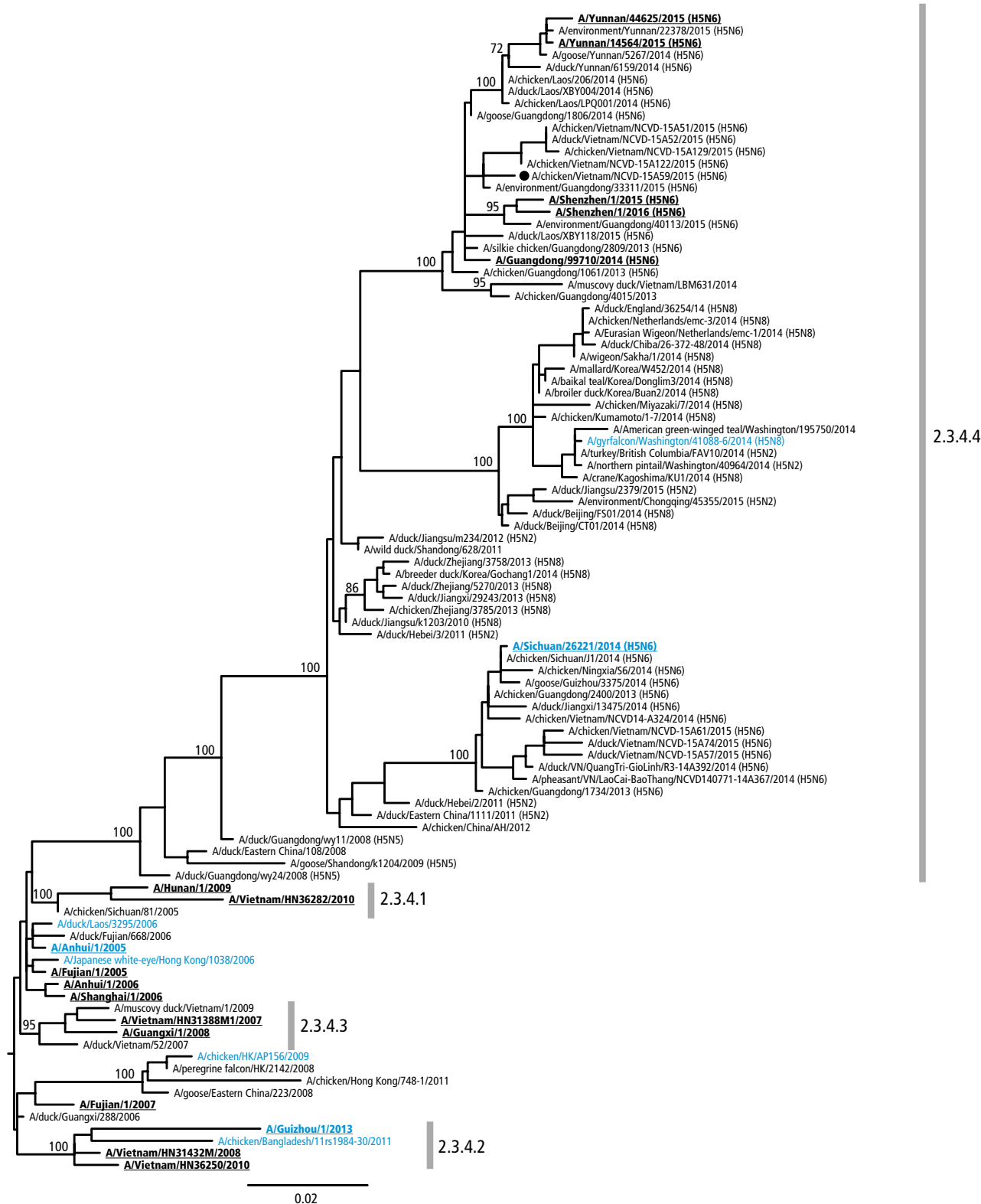
Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères gras indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

⁴ Communication from WHO Collaborating Centre, Beijing.

⁴ Communication du centre collaborateur de l'OMS à Beijing.

Figure 1 **Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.1 haemagglutinin genes**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.1**



The available candidate vaccine viruses appear in blue. The proposed vaccine candidate is indicated (•); all human viruses are **underlined and in bold font**. 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 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 3 **Status of development of influenza A(H5) candidate vaccine virus**
 Tableau 3 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Institution*	Available – Disponible
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/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 (SJ-003)	2.3.2.1b	SJCRH/HKU	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)	2.3.4.4 (H5N6)	CDC/CCDC	Yes – Oui
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (IDCDC-RG43A)	2.3.4.4 (H5N8)	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Institution	Available – Disponible
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012	2.3.2.1c	NIBSC	Pending – En attente
A/environment/Hubei/950/2013	7.2	CDC/CCDC	Pending – En attente
A/Egypt/N04915/2014-like – Analogue à A/Egypt/N04915/2014	2.2.1.2	NIBSC	Pending – En attente
A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015-like – Analogue à A/chicken/Viet Nam/NCVD-15A59/2015	2.3.4.4 (H5N6)	SJCRH	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, Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; NIV, National Institute of Virology, Inde; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

genetically similar to those detected previously. Comparison of human and avian viruses using haemagglutination inhibition (HI) assays showed that the majority of those tested remained antigenically similar to the CVVs derived from A/Anhui/1/2013-like and A/Shanghai/2/2013-like viruses.

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 4*. As the viruses continue to evolve, new A(H7N9) CVVs may be developed.

analogues, sur le plan génétique, à ceux détectés précédemment. La comparaison des virus humains et aviaires à l'aide d'épreuves d'inhibition de l'hémagglutination (IH) a montré que la plupart des virus testés demeurent analogues, du point de vue antigénique, aux virus vaccinaux candidats dérivés des souches de types A/Anhui/1/2013 et A/Shanghai/2/2013.

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 4*. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H7N9) pourraient être mis au point.

Table 4 **Status of development of influenza A(H7N9) candidate vaccine virus**
Tableau 4 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7N9)**

Candidate vaccine virus – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*	Available – Disponible
A/Anhui/1/2013 (H7N9) IDCDC-RG33A	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/Anhui/1/2013 (H7N9) SJCRH	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	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) IDCDC-RG32A	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) 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 distribuant les virus vaccinaux 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, Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

(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), A/chicken/Beijing/1/94 (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 but one human case the associated disease symptoms have been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

Influenza A(H9N2) activity from 22 September 2015 to 22 February 2016

Six human cases of A(H9N2) infection have been reported in this period, with no fatalities. Five A(H9N2) viruses were isolated from humans in China. One of these viruses was associated with severe disease although underlying conditions likely contributed to this. Genetically and antigenically the tested viruses were similar to Y280-lineage A(H9N2) viruses known to circulate in birds in China. One A(H9N2) human case was detected in Bangladesh. Although no virus was

3) Grippe A(H9N2)

Les virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques dans 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 aux clades A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1), A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) ou eurasiens. 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 d'infection humaine sauf un, les symptômes de la maladie associée ont été bénins. Aucun signe de transmission interhumaine n'a été relevé.

Activité de la grippe A(H9N2) du 22 septembre 2015 au 22 février 2016

Six cas humains d'infection par un virus A(H9N2) ont été notifiés pendant cette période, sans décès. Cinq virus A(H9N2) ont été isolés chez des êtres humains en Chine. L'un de ces virus était associé à une forme grave de la maladie, bien que la présence d'affections sous-jacentes ait probablement constitué un facteur contributif. Sur les plans génétique et antigénique, les virus testés étaient analogues aux virus A(H9N2) de la lignée Y280, dont on sait qu'ils circulent chez les oiseaux en Chine. Un cas humain d'infection par un virus A(H9N2) a été détecté au

isolated from this individual, sequencing of clinical material showed that the HA gene of the infecting virus was similar to A/Bangladesh/994/2011 for which a CVV has been produced.

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 5*. As the viruses continue to evolve, new A(H9N2) CVVs may be developed.

Bangladesh. Bien qu'aucun virus n'ait été isolé chez ce patient, le séquençage des échantillons cliniques a montré que le gène de l'hémagglutinine du virus responsable de l'infection était analogue à celui de la souche A/Bangladesh/994/2011 ayant servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat.

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 5*. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H9N2) pourraient être mis au point.

Table 5 **Status of development of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus**
Tableau 5 **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, Angleterre; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

(4) Influenza A(H1N1) variants (v)⁵

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.

4) Variants du virus grippal A(H1N1) (v)⁵

Des virus grippaux A(H1N1) circulent dans les populations porcines de nombreuses régions du monde. Les caractéristiques génétiques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Des infections humaines par les virus porcins A(H1) sont observées depuis de nombreuses années.

Influenza A(H1N1)v activity from 22 September 2015 to 22 February 2016

A non-fatal A(H1N1)v human case was detected in the United States of America (USA) during October in a patient with reported exposure to swine. Virus was not recovered from this case. Genomic sequences obtained from clinical specimen confirmed that the HA gene belonged to the classical swine gamma lineage⁶ but was genetically distant from the A(H1N1)pdm09 vaccine virus, A/California/7/2009, and the A(H1N1)v CVV, A/Ohio/9/2015.

Activité de la grippe A(H1N1)v du 22 septembre 2015 au 22 février 2016

En octobre, un cas humain non mortel de grippe A(H1N1)v a été identifié aux États-Unis d'Amérique (USA) chez un patient indiquant qu'il avait été exposé à des porcs. Le virus responsable de ce cas n'a pas été isolé. Les séquences génomiques obtenues à partir d'un échantillon clinique ont confirmé que le gène de l'hémagglutinine appartenait à la lignée porcine gamma classique,⁶ mais était génétiquement distant de celui du virus vaccinal A(H1N1)pdm09, A/California/7/2009, et du virus vaccinal candidat A(H1N1)v, A/Ohio/9/2015.

Two cases of Eurasian (EA) lineage avian-like A(H1N1)v viruses were identified in China during this reporting period. These cases were detected in different cities in Yunnan Province during November 2015. The HA genes

Deux cas d'infection par les virus A(H1N1)v de type aviaire de la lignée eurasiennne ont été identifiés en Chine au cours de cette période. Ces cas ont été détectés dans des villes différentes de la province de Yunnan en novembre 2015. Les gènes de

⁵ See http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/

⁵ Voir http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/.

⁶ See <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/zph.12049/epdf>

⁶ Voir <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/zph.12049/epdf>.

of viruses recovered, A/Yunnan-Longyang/SWL1982/2015 and A/Yunnan-Wuhua/SWL1869/2015, grouped with those of swine influenza viruses circulating in China and a previously reported A(H1N1)v detected in China, A/Hunan/42443/2015 (Figure 2). Results of HI testing of these viruses are not yet available. Due to the lack of an existing CVV representing these EA lineage viruses a new CVV is proposed.

Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the available genetic and epidemiologic data, a A/Hunan/42443/2015-like CVV is proposed (Table 6). As the viruses continue to evolve, 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 A(H3N2) viruses have been documented in Asia, Europe and North America.⁷

Influenza A(H3N2)v activity from 22 September 2015 to 22 February 2016

One case of A(H3N2)v was identified in the USA during this reporting period. The individual from New Jersey developed illness in December and recovered following oseltamivir treatment. Virus isolated from the patient, A/New Jersey/53/2015, belonged to cluster IV-A⁶ and was related to swine viruses circulating in the USA during 2014–2015.

Despite some genetic diversity between this virus and the closest A(H3N2)v CVV, A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203), it was well-inhibited by ferret antisera raised against A/Minnesota/11/2010. In addition, reactivity of this virus to pooled human sera collected from adults post-vaccination with the 2015–2016 seasonal influenza

l'hémagglutinine des virus isolés, A/Yunnan-Longyang/SWL1982/2015 et A/Yunnan-Wuhua/SWL1869/2015, appartenait au même groupe que ceux des virus de la grippe porcine circulant en Chine et du virus A(H1N1)v précédemment détecté en Chine, A/Hunan/42443/2015 (Figure 2). Les résultats des épreuves d'HI de ces virus ne sont pas encore disponibles. Étant donné qu'aucun virus vaccinal candidat existant ne représente ces virus de la lignée eurasiennne, un nouveau virus vaccinal candidat est proposé.

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

Au vu des données génétiques et épidémiologiques disponibles, un virus vaccinal candidat de type A/Hunan/42443/2015 est proposé (Tableau 6). Ces virus continuant d'évoluer, 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 le lieu géographique. Des infections humaines par des virus porcins A(H3N2) ont été signalées en Asie, en Europe et en Amérique du Nord.⁷

Activité de la grippe A(H3N2)v du 22 septembre 2015 au 22 février 2016

Un cas d'infection par un virus A(H3N2)v a été identifié aux USA pendant la période faisant l'objet de ce rapport. Le patient en question, résident du New Jersey, a contracté la maladie en décembre et s'est rétabli après un traitement par l'oseltamivir. Le virus isolé chez ce patient, A/New Jersey/53/2015, appartenait au groupe IV-A⁶ et était apparenté aux virus porcins qui circulaient aux USA pendant la période 2014-2015.

Malgré une certaine diversité génétique entre ce virus et le virus vaccinal candidat A(H3N2)v le plus proche, A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203), il était bien inhibé par les antisérums de furet dirigés contre A/Minnesota/11/2010. En outre, la réactivité de ce virus vis-à-vis d'échantillons groupés de sérum humain recueillis chez des adultes après vaccination par le vaccin antigrippal

Table 6 Status of development of influenza A(H1N1)v candidate vaccine virus

Tableau 6 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	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC
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 Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC and NIBSC – CCDC et NIBSC

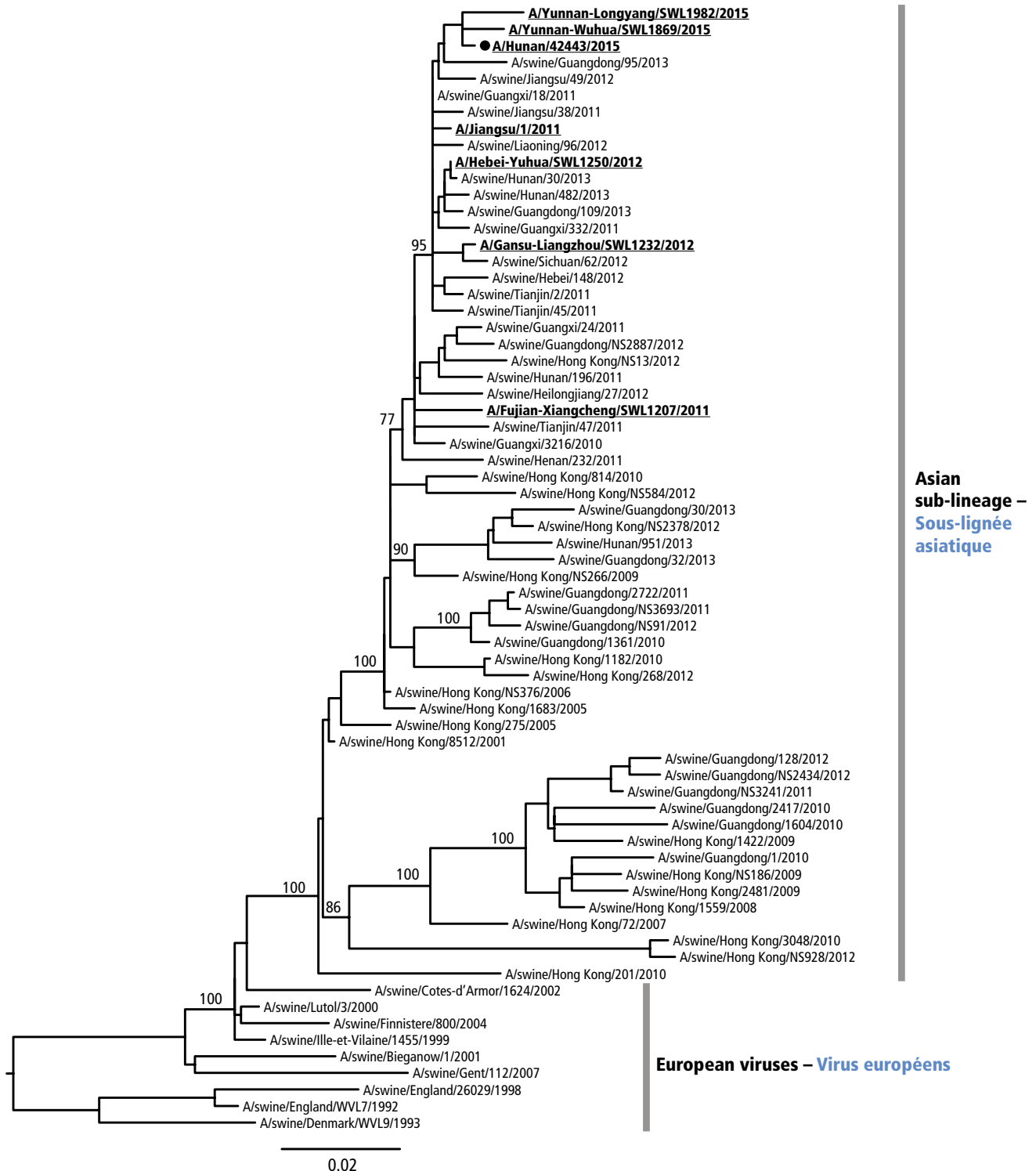
* Institution developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; CCDC, Chinese Center for Disease Control and Prevention; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare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

⁷ Freidl, GS. et al. Influenza at the animal-human interface: a review of the literature for virological evidence of human infection with swine or avian influenza viruses other than A(H5N1). Euro Surveill. May 8;19(18), 2014.

⁷ Freidl, GS. et al. Influenza at the animal-human interface: a review of the literature for virological evidence of human infection with swine or avian influenza viruses other than A(H5N1). Euro Surveill. May 8;19(18), 2014.

Figure 2 **Phylogenetic relationships of HA haemagglutinin genes of influenza A(H1) Eurasian avian-like swine lineage**

Figure 2 **Liens de parenté phylogénétiques existant entre les gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H1) de la lignée eurasiennne porcine de type aviaire**



The proposed vaccine candidate is indicated (●) and human viruses **underlined and in bold font**. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●) et les virus humains sont **soulignés et indiqués en caractères gras**. 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.

vaccine was comparable to other A(H3N2)v viruses and recent seasonal A(H3N2) vaccine viruses.

Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new A(H3N2)v CVVs are proposed. The available A(H3N2)v CVVs are listed in *Table 7*. As the viruses continue to evolve, new A(H3N2)v CVVs may be developed.

Table 7 **Status of development of influenza A(H3N2)v candidate vaccine virus**
Tableau 7 **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

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

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

saisonnier 2015 2016 était comparable à celle d'autres virus A(H3N2)v, ainsi que des virus A(H3N2) ayant récemment servi à la préparation des vaccins saisonniers.

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

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H3N2)v n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N2)v disponibles sont recensés dans le *Tableau 7*. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H3N2)v pourraient être mis au point.

Remerciements

Nous remercions le système mondial OMS de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS) qui propose des dispositifs permettant la détection et la surveillance des virus grippaux zoonotiques émergents. Nous remercions également: les centres nationaux de lutte contre la grippe du GISRS qui fournissent informations, échantillons cliniques et virus, et autres données associées; les centres collaborateurs de l'OMS pour leur caractérisation approfondie et leur analyse complète des virus; les laboratoires de référence H5 de l'OMS pour leurs études complémentaires. Merci aussi au Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et aux autres institutions nationales de fournir des informations concernant les virus animaux. Enfin, tous nos remerciements à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID), pour la base de données EpiFlu ainsi que pour les autres banques de données qui ont été utilisées pour partager des séquences de gènes et toute information ayant un lien avec. ■

www.who.int/wer

Email • send message [subscribe wer-reh](mailto:subscribe-wer-reh@who.int) to listserv@who.int
Content management & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

www.who.int/wer

Email • envoyer message [subscribe wer-reh](mailto:subscribe-wer-reh@who.int) à listserv@who.int
Gestion du contenu & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

Monthly report on dracunculiasis cases, January 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 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 ^a – Date de réception du rapport ^a	Total no. of rumours ^b of suspected dracunculiasis cases in 2016 – Nombre total de rumeurs ^b de cas suspects de dracunculose en 2016	No. of new dracunculiasis cases reported in 2016 ^c – Nombre de nouveaux cas de dracunculose signalés en 2016 ^c		Total no. of reported cases for the same months of 2015 – Nombre total de cas signalés pour les mêmes mois en 2015		Month of emergence of last reported indigenous case – Mois d'émergence du dernier cas autochtone signalé
			January – Janvier	2016	2015	2015	
Endemic countries – Pays d'endémie							
Chad – Tchad	20 February 2016 – 20 février 2016	269	0	0	0	0	October 2015 – octobre 2015
Ethiopia – Éthiopie	4 March 2016 – 4 mars 2016	553	0	0	0	0	October 2015 – octobre 2015
Mali	19 February 2016 – 19 février 2016	1	0	0	0	0	November 2015 – novembre 2015
South Sudan – Soudan du Sud	NR	NR	0	0	0	0	November 2015 – novembre 2015
Precertification countries – Pays au stade de la précertification							
Kenya	19 February 2016 – 19 février 2016	5	0	0	0	0	October 1994 – octobre 1994
Sudan – Soudan	NR	0	0	0	0	0	September 2013 – septembre 2013
Total		828	0	0	0	0	

Source: Ministries of Health – Ministères de la Santé.

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

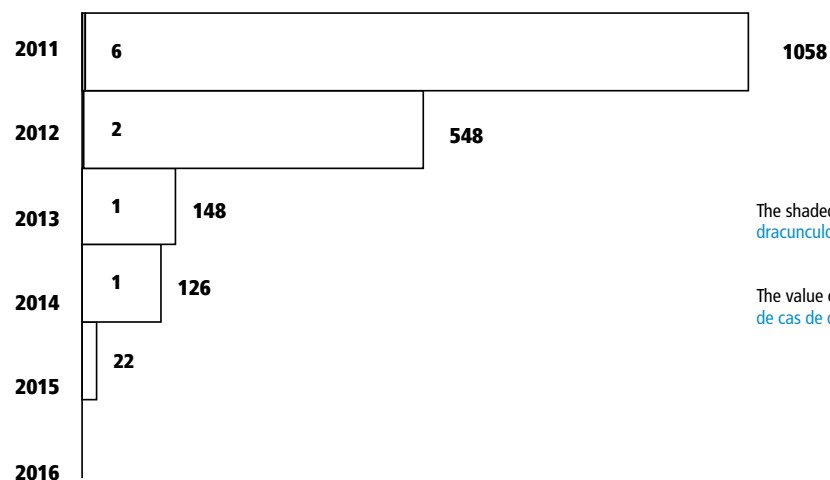
^b Rumour of dracunculiasis. Information about an alleged case of dracunculiasis (Guinea-worm disease) obtained from any source (informants). – Rumeur de dracunculose. Information au sujet d'un cas présumé de dracunculose (maladie du ver de Guinée) obtenue à partir de n'importe quelle source (informateurs).

^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.

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.