



Contents

- 361 Global influenza surveillance network: laboratory surveillance and response to pandemic H1N1 2009
- 366 Global detection of wild and vaccine-derived polioviruses, January 2008–June 2009
- 371 Monthly report on dracunculiasis cases, January–July 2009

Sommaire

- 361 Mesures prises par les laboratoires du Réseau mondial de surveillance de la grippe pour faire face à la grippe pandémique H1N1 2009
- 366 Détection des poliovirus sauvages et dérivés de souches vaccinales dans le monde, Janvier 2008–juin 2009
- 371 Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier–juillet 2009

Global influenza surveillance network: laboratory surveillance and response to pandemic H1N1 2009

Background

In response to the spread of the new influenza A (H1N1) virus, WHO declared pandemic influenza Phase 6 on 11 June 2009¹ and organized a global response to this event with partners. Monitoring the evolution of the pandemic virus and sharing information for public health response have been key components of the global response. Under the coordination of WHO, the Global influenza surveillance network (GISN)² has made significant contributions to these efforts. This network comprises 5 WHO collaborating centres for reference and research on influenza (WHOCC), 4 essential regulatory laboratories (ERLs) and 128 institutions in 99 countries, that are recognized by WHO as national influenza centres (NICs).

From the start of the pandemic, regular teleconferences with the WHOCCs and ERLs have been held for periodic exchange and review of laboratory response and virological findings. This report provides a summary of the GISN's response including pandemic H1N1 2009 diagnostic assays, circulating pandemic and seasonal viruses, antigenic and genetic characterization of the viruses, antiviral resistance monitoring, and vaccine virus and reagent development.

Mesures prises par les laboratoires du Réseau mondial de surveillance de la grippe pour faire face à la grippe pandémique H1N1 2009

Situation générale

En réponse à la propagation du nouveau virus grippal A (H1N1), le 11 juin 2009,¹ l'OMS a déclaré le passage à la phase 6 et organisé avec divers partenaires la suite à donner à cet événement au niveau mondial. La surveillance de l'évolution du virus pandémique et l'échange des informations pour définir des mesures de santé publique ont été les principales composantes de l'action mondiale. Le Réseau mondial OMS de surveillance de la grippe² a grandement contribué à ces efforts coordonnés par l'Organisation. Ce Réseau comprend 5 centres collaborateurs OMS de référence et de recherche sur la grippe, 4 laboratoires essentiels de réglementation et 128 institutions situées dans 99 pays et reconnus par l'OMS comme des centres nationaux de lutte contre la grippe.

Depuis le début de la pandémie, des téléconférences ont été régulièrement tenues avec les centres collaborateurs de l'OMS et les laboratoires essentiels de réglementation afin d'échanger et d'examiner périodiquement les mesures prises par les laboratoires et les résultats des études virologiques. Le présent rapport fournit un résumé des mesures prises par le Réseau concernant les tests diagnostiques de la grippe pandémique H1N1 2009, les virus pandémiques et saisonniers circulants, la caractérisation antigénique et génétique des virus, la résistance aux antiviraux et le développement de virus vaccins et de réactifs.

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

Annual subscription / Abonnement annuel
Sw. fr. / Fr. s. 334.–

09.2009
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

¹ See http://www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_pandemic_phase6_20090611/en/index.html

² See <http://www.who.int/csr/disease/influenza/influenzanelwork/en/index.html>

¹ Voir http://www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_pandemic_phase6_20090611/en/index.html

² Voir <http://www.who.int/csr/disease/influenza/influenzanelwork/en/index.html>

1. Diagnostic assays

Pandemic H1N1 2009 viruses were first detected in April 2009. Laboratories in GISN are conducting diagnostic assays for virus detection, virological surveillance and for clinical management.³ The United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC) has developed a real-time reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) diagnostic method for the detection of pandemic H1N1 2009 viruses and, to date, has distributed >600 PCR kits to laboratories in the USA and worldwide. Many institutions were able to acquire such assays following WHO/GISN timely announcement on the web.⁴ Supplementary reagent kits for the haemagglutination inhibition (HI) test have been sent to laboratories in the USA and to 40 laboratories in 25 countries. Many other institutes have developed real-time and conventional PCR assays as well as sequencing protocols for the detection and confirmation of pandemic H1N1 2009 virus. WHO is coordinating the development and use of these assays in GISN and strengthening laboratory capacity in various regions.

2. Monitoring the co-circulation of pandemic and seasonal influenza virus

Data on the number of specimens positive for pandemic (H1N1) 2009 and seasonal influenza viruses have been collected through FluNet, an internet-based data query and reporting tool developed by WHO to facilitate global influenza reporting,⁵ as well as directly from the WHOCCs. During the pandemic period from 19 April (week 17) to 1 August 2009 (week 31), 60 655 specimens tested positive for influenza and were reported to FluNet by 73 countries, areas and territories. Of these, 35 585 (58.7%) specimens tested positive for pandemic H1N1 2009.

The proportion of pandemic H1N1 versus seasonal influenza viruses reported to FluNet increased from week 17 to week 31. Data from the reporting countries, areas and territories are shown in *Fig 1*. However, as not all countries experiencing pandemic H1N1 2009 activity reported to FluNet during this time period, the data should be interpreted cautiously.

From the start of the pandemic until 1 August 2009, 119 countries, areas and territories cumulatively shared 8042 clinical samples and 2000 virus isolates with WHOCCs. Of the total, 8062 specimens (clinical and isolates) were tested and 6153 (76.3%) tested positive for influenza. Of these positive specimens, 3586 (58.3%) were pandemic H1N1, 1990 (32.3%) were non-pandemic influenza A and 577 (9.4%) were influenza B. The proportions reported here may not be representative of influenza virus circulation in the submitting countries.

³ See http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/diagnostic_recommendations/en/index.html

⁴ See <http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/realtimetype/index.html>

⁵ See <http://www.who.int/flunet>

1. Tests diagnostiques

Les virus de la grippe pandémique H1N1 2009 ont été détectés pour la première fois en avril 2009. Les laboratoires du Réseau mondial effectuent des tests diagnostiques pour la détection des virus, la surveillance virologique et la prise en charge clinique.³ Les *Centers for Disease Control and Prevention* des États-Unis (CDC) ont mis au point une méthode diagnostique de transcription inverse – amplification génique (RT-PCR) en temps réel pour la détection de la grippe pandémique H1N1 2009 et ont distribué >600 kits de PCR à des laboratoires des États-Unis et du monde entier. De nombreuses institutions ont pu acquérir ces tests parce que l’OMS/le Réseau mondial ont diffusé cette information à temps sur le Web.⁴ Des kits supplémentaires de réactifs destinés aux tests d’inhibition de l’hémagglutination (IH) ont été envoyés à des laboratoires des États-Unis et à 40 laboratoires situés dans 25 pays. De nombreux autres instituts ont mis au point des méthodes de PCR classiques et en temps réel, ainsi que des protocoles de séquençage pour le dépistage et la confirmation de la présence du virus de la grippe pandémique H1N1 2009. L’OMS coordonne le développement et l’utilisation de ces méthodes dans le Réseau mondial, ainsi que le renforcement des compétences des laboratoires dans diverses régions.

2. Suivi de la circulation conjointe des virus de la grippe pandémique et de la grippe saisonnière

Les données relatives au nombre d’échantillons dans lesquels on a retrouvé des virus de la grippe pandémique H1N1 2009 et de la grippe saisonnière ont été collectées au moyen du FluNet, un instrument de recherche et de notification des données sur Internet mis au point par l’OMS pour faciliter la notification mondiale de la grippe,⁵ ainsi que directement auprès des centres collaborateurs de l’OMS. Au cours de la période de pandémie comprise entre le 19 avril (semaine 17) et le 1^{er} août 2009 (semaine 31), 60 655 échantillons testés se sont avérés positifs pour la grippe et ont été notifiés au FluNet par 73 pays, zones et territoires, dont 35 585 (58,7%) ont été testés positifs pour la grippe pandémique H1N1 2009.

La proportion des virus de la grippe pandémique H1N1 par rapport aux virus de la grippe saisonnière notifiés au FluNet a augmenté entre la semaine 17 et la semaine 31. La *Figure 1* montre les données des pays, zones et territoires ayant notifié des cas. Toutefois, comme les pays dans lesquels il y a eu une activité de la grippe pandémique H1N1 2009 au cours de cette période n’ont pas tous notifié les cas au FluNet, ces données doivent être interprétées avec prudence.

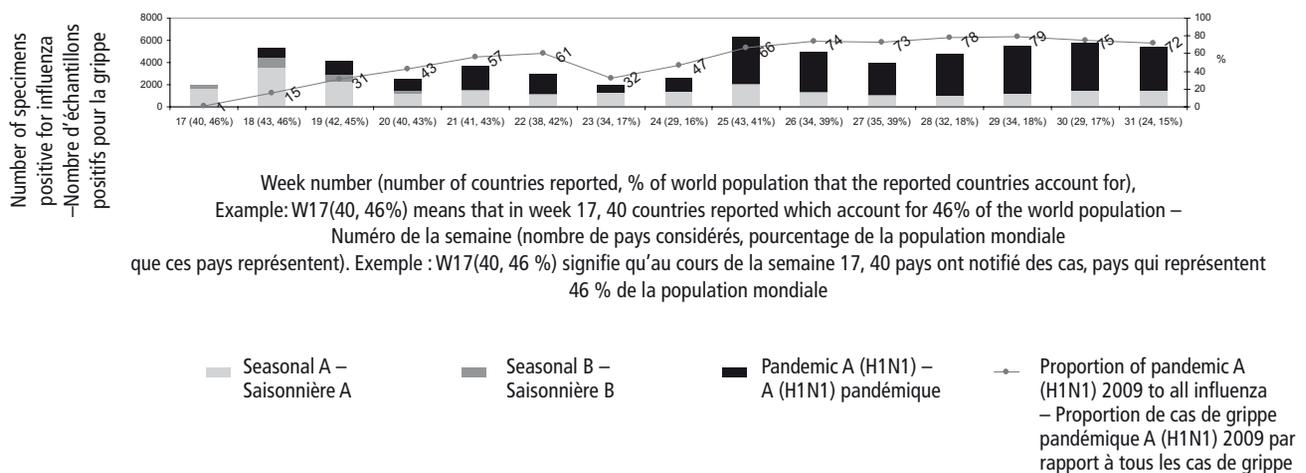
A partir du début de la pandémie jusqu’au 1^{er} août 2009, 119 pays, zones et territoires ont échangé au total 8042 échantillons cliniques et 2000 isolements viraux avec les centres collaborateurs de l’OMS. En tout, 8062 échantillons (cliniques et isolements) ont été testés et 6153 (76,3%) ont été testés positifs pour la grippe. Parmi ces échantillons positifs, 3586 (58,3%) renfermaient des virus de la grippe pandémique H1N1 2009, 1990 (32,3%) renfermaient des virus de la grippe A non pandémique et 577 (9,4%) des virus de la grippe B. Les proportions rapportées ici ne sont peut-être pas représentatives de la circulation des virus grippaux dans ces pays.

³ Voir http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/diagnostic_recommendations/en/index.html.

⁴ Voir <http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/realtimetype/en/index.html>.

⁵ Voir <http://www.who.int/flunet>.

Fig. 1 **FluNet Global Data: number of specimens positive for influenza by subtypes (from 19 April to 1 August)**
 Fig.1 **Données mondiales du FluNet: Nombre d'échantillons positifs pour la grippe par sous-type (du 19 avril au 1^{er} août)**



It is nevertheless clear from both the WHOCC and FluNet reporting systems that the pandemic H1N1 2009 virus is the predominant influenza virus circulating in many countries, including those in the Southern Hemisphere that are currently experiencing winter conditions.

3. Monitoring the evolution of the pandemic H1N1 2009 virus: antigenic and genetic characterization

Studies on the virological characteristics of the pandemic H1N1 2009 virus are being carried out by GISAID to monitor the evolution of the virus. A number of pandemic H1N1 2009 clinical specimens and isolates from affected countries have also been shared with the WHOCCs for detailed virus characterization. From April to 1 August 2009, 119 shipments from 56 countries, areas and territories to the WHOCCs were received with facilitation by the WHO global influenza shipment fund project.⁶

Representative pandemic H1N1 2009 virus isolates from many countries have been analysed both antigenically and genetically by the WHOCCs. All viruses tested to date are antigenically similar to the A/California/7/2009 vaccine virus, as revealed by the HI test using ferret antisera. Viruses that have been sequenced are all closely related to the A/California/7/2009, virus with very minor genetic variation. Complete genome sequencing has shown no evidence of reassortment with other influenza viruses.

Serological studies conducted at the WHOCCs suggest that a proportion of older adults have some level of cross-reactive neutralizing antibodies to the pandemic H1N1 2009 virus. Data from a study in Japan showed that 40% of 30 elderly persons (aged 72–103 years; average 83 years) had neutralizing antibody titers of >40

Il est néanmoins évident d'après les systèmes de notification des centres collaborateurs OMS et du FluNet que le virus de la grippe pandémique H1N1 2009 est le principal virus grippal circulant dans de nombreux pays, notamment dans les pays de l'hémisphère Sud qui sont actuellement soumis à des conditions hivernales.

3. Suivi de l'évolution de la grippe pandémique H1N1 2009: caractérisation antigénique et génétique du virus

Les études relatives aux caractéristiques virologiques du virus de la grippe pandémique H1N1 2009 sont effectuées par le Réseau mondial afin de surveiller l'évolution du virus. Un certain nombre d'échantillons cliniques et d'isolements de ce virus provenant des pays touchés ont également été échangés avec les centres collaborateurs de l'OMS pour obtenir une caractérisation détaillée du virus. Entre le mois d'avril et le 1^{er} août 2009, 119 colis expédiés par 56 pays, zones et territoires aux centres collaborateurs de l'OMS ont été reçus, grâce à l'aide apportée par le projet de financement mondial de l'expédition des échantillons cliniques et isolements grippaux.⁶

Des isolements représentatifs du virus de la grippe pandémique H1N1 2009 provenant de nombreux pays ont été analysés par les centres collaborateurs de l'OMS sur le plan antigénique et génétique. Tous les virus testés à ce jour sont semblables sur le plan antigénique au virus vaccin A/California/7/2009, comme l'a révélé l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination (IH) appliquée au moyen d'immunsérum de furet postinfection. Les virus qui ont été séquencés sont tous étroitement apparentés au virus A/California/7/2009 et ne présentent qu'une variation génétique très mineure. Le séquençage complet du génome n'a montré aucun signe de réassortiment avec d'autres virus grippaux.

Les études sérologiques effectuées dans les centres collaborateurs de l'OMS laissent à penser qu'une partie des adultes d'âge mûr présentent une certaine concentration d'anticorps neutralisants montrant des réactions croisées contre le virus de la grippe pandémique H1N1 2009. Des données provenant d'une étude menée au Japon ont montré que 40% des 30 personnes

⁶ See http://www.euro.who.int/Document/INF/flu_samples_ship_instructions.pdf

⁶ Voir http://www.euro.who.int/Document/INF/flu_samples_ship_instructions.pdf.

against the pandemic virus. Data from the USA showed that children and younger adults aged <30 years had little or no cross-reactive antibodies to human infection with pandemic A (H1N1) 2009 influenza virus, but that cross-reactive neutralizing antibody titers of ≥ 80 were detected in approximately one third of older adults (aged >60 years) tested.

Based on the data generated thus far, vaccination with recent seasonal trivalent influenza vaccines, including the 2008–2009 vaccine that contained the A/Brisbane/59/2007-like H1N1 component, did not result in a boost of cross-reactive antibodies to the pandemic H1N1 2009 virus in any age group.

4. Antiviral resistance monitoring

GISN is actively monitoring the susceptibility of emerging influenza viruses to antiviral drugs. In general, the pandemic H1N1 2009 viruses are resistant to M2 inhibitors (amantadine and rimantadine) but sensitive to neuraminidase inhibitors (oseltamivir and zanamivir). Of >2000 virus isolates from 119 countries and 180 clinical specimens evaluated from the USA, only 12 oseltamivir-resistant isolates of pandemic virus have been reported (from Canada, China, Denmark, Hong Kong Special Administrative Region of China, Japan, Singapore and the USA). All the patients experienced typical influenza-like illness and all subsequently recovered without complication. The cases were all sporadic, and resistant viruses have not been detected in close contacts of these individuals. All the resistant viruses remain sensitive to zanamivir. These findings serve as the scientific base for formulating national and global policy on the use of antiviral drugs against pandemic H1N1 2009 virus infections.⁷

5. Vaccine virus and reagent development

WHOCs and ERLs have helped to pioneer techniques for influenza vaccine virus development over the years. In addition to undertaking studies on antigenic and genetic characterization of virus isolates and providing advice to WHO concerning vaccine virus selection, they develop classical and reverse genetics-based reassortant candidate vaccine viruses for influenza vaccine production.

a. Pandemic candidate vaccine virus recommendation

Based on the antigenic and genetic analysis, on 26 May 2009, WHO recommended A/California/7/2009-like virus for pandemic vaccine development.⁸

âgées étudiées (72–103 ans; moyenne 83 ans) présentaient des titres d'anticorps neutralisants >40 contre le virus de la grippe pandémique. Les données provenant des États-Unis montrent que les enfants et les adultes plus jeunes (<30 ans) ne présentaient que peu ou pas d'anticorps montrant des réactions croisées contre le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009, mais que des titres d'anticorps neutralisants montrant des réactions croisées ≥ 80 ont été mis en évidence chez près d'un tiers des adultes plus âgés (>60 ans) testés.

Si l'on se base sur les données générées jusqu'à présent, la vaccination par les vaccins trivalents récents contre la grippe saisonnière, y compris le vaccin 2008–2009 qui renfermait la composante H1N1 de type A/Brisbane/59/2007, n'a entraîné dans aucune des classes d'âge un renforcement de la production des anticorps montrant une réaction croisée contre le virus de la grippe pandémique H1N1 2009.

4. Surveillance de la résistance aux antiviraux

Le Réseau mondial surveille activement les virus grippaux à la recherche d'une résistance aux antiviraux. En général, les virus de la grippe pandémique H1N1 2009 sont résistants aux inhibiteurs de la protéine M2, à savoir amantadine et rimantadine, mais sensibles aux inhibiteurs de la neuraminidase que sont l'oseltamivir et le zanamivir. Sur les >2000 isolements provenant de 119 pays et 180 échantillons évalués par les États-Unis, seuls 12 isolements du virus de la grippe pandémique résistant à l'oseltamivir ont été notifiés au Canada, en Chine, au Danemark, aux États-Unis, à Hong Kong (Région administrative spéciale de Chine), au Japon et à Singapour. Tous les patients ont montré un syndrome d'allure grippale typique et ils ont tous guéri par la suite sans complication. Il s'agissait de cas sporadiques et aucun virus résistant n'a été détecté chez les contacts proches de ces sujets. Tous les virus résistants restent sensibles au zanamivir. Ces conclusions servent de base scientifique pour mettre au point les politiques nationales et mondiales concernant l'utilisation des médicaments contre les infections dues à la grippe pandémique H1N1.⁷

5. Mise au point de virus vaccins et de réactifs

Les centres collaborateurs de l'OMS et les laboratoires essentiels de réglementation ont de tout temps pris une part active au développement des techniques de mise au point des virus vaccins contre la grippe. Outre le fait qu'ils entreprennent des études sur la caractérisation antigénique et génétique des isolements viraux et conseillent l'OMS en matière de sélection des virus vaccins, ils fabriquent des virus vaccins candidats classiques et réassortis au moyen des techniques de génétique inverse afin de produire des vaccins antigrippaux nouveaux chaque année.

a. Recommandations relatives au virus vaccin candidat contre la grippe pandémique

D'après les caractéristiques antigéniques et l'analyse génétique, le 26 mai 2009, l'OMS a recommandé d'utiliser un virus de type A/California/7/2009 pour la mise au point d'un vaccin contre la grippe pandémique.⁸

⁷ See http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/h1n1_use_antivirals_20090820/en/index.html

⁸ See <http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/H1N1Vaccinevirusrecommendation26May2009.pdf>

⁷ Voir http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/h1n1_use_antivirals_20090820/en/index.html

⁸ Voir <http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/H1N1Vaccinevirusrecommendation26May2009.pdf>

b. Pandemic vaccine virus and reagents development

Since the beginning of the current pandemic, WHOCCs, ERLs, partner institutions, in coordination and collaboration with vaccine manufacturers, have been making continuous efforts in the development of candidate pandemic vaccine viruses. To date, 10 reassortants and 4 wild-type vaccine viruses have been distributed to manufacturers and research institutions for vaccine development.^{9, 10}

Reagents are being developed by WHO ERLs in close collaboration with the vaccine manufacturers and distributed for testing of the potency of the developed vaccines.¹¹

6. Information exchange

A number of guidance documents and recommendations have been prepared by WHO in collaboration with GISN and published on the WHO web site,¹² in areas including information for laboratory diagnosis, storage, transport and shipment of specimens, the characteristics of the pandemic H1N1 2009 viruses and recommendations for vaccine development, as well as the status of vaccine virus development and availability of reagents for vaccine potency.

Rapid communication and information exchange is being facilitated among WHO/GISN, key partners and influenza experts worldwide by holding global teleconferences to strengthen the current understanding of the virological characteristics of the pandemic H1N1 2009 virus. The first global teleconference was held on 15 July 2009 with participation from WHOCCs, H5 reference laboratories, NICs, research institutions, laboratory experts of the Organisation Mondiale de la Santé Animale (OIE) and Food and Agriculture Organization (FAO), WHO Regional Offices and WHO headquarters. Regular teleconferences are planned in the future.

7. Summary

Under the coordination and leadership of WHO, the GISN laboratories have made important contributions and will continue to support the global response to pandemic H1N1 2009 through monitoring of the virus: its spread, evolution and biological behavior, which have been the scientific foundation for many other response measures, for example the use of antiviral drugs and the development of vaccine. ■

b. Développement de virus vaccins et de réactifs contre la grippe pandémique

Depuis le début de la pandémie actuelle, les centres collaborateurs de l'OMS, les laboratoires essentiels de réglementation, les institutions partenaires, en coordination et en collaboration avec les fabricants de vaccins, n'ont cessé de poursuivre leurs efforts pour mettre au point des virus vaccins candidats contre la grippe pandémique. A ce jour, 10 virus vaccins réassortis et 4 virus vaccins de type sauvage ont été distribués aux fabricants et aux instituts de recherche pour la mise au point d'un vaccin.^{9, 10}

Les réactifs sont mis au point par les laboratoires essentiels de réglementation de l'OMS en collaboration étroite avec les fabricants de vaccins et sont distribués afin de tester l'activité des vaccins mis au point.¹¹

6. Echange des informations

Un certain nombre de documents d'orientation et de recommandations ont été préparés par l'OMS en collaboration avec le Réseau mondial et publiés sur le site Web de l'Organisation¹² dans les endroits qui comprennent des informations sur le diagnostic de laboratoire, la conservation, le transport et l'expédition des échantillons, les caractéristiques des virus de la grippe pandémique H1N1 2009 et des recommandations pour la mise au point d'un vaccin, de même que l'état de l'avancement des travaux sur les virus vaccins et la disponibilité de réactifs pour l'étude de l'activité des vaccins.

Une communication et un échange d'informations rapides sont favorisés entre l'OMS/le Réseau mondial, les partenaires importants et les experts de la grippe du monde entier par la tenue de téléconférences mondiales visant à renforcer la connaissance que l'on a actuellement des caractéristiques du virus de la grippe pandémique H1N1 2009. La première téléconférence mondiale a été tenue le 15 juillet 2009 avec la participation des centres collaborateurs de l'OMS, des laboratoires de référence H5, des centres nationaux de lutte contre la grippe, des instituts de recherche, des experts de laboratoire de l'Organisation mondiale de la Santé animale (OIE) et de l'Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO), des bureaux régionaux et du Siège de l'OMS. Des téléconférences régulières sont prévues à l'avenir.

7. Résumé

Sous la direction et avec la coordination de l'OMS, les laboratoires du Réseau mondial ont fait des contributions importantes et continueront de soutenir les mesures mises en place dans le monde afin de lutter contre la grippe pandémique H1N1 2009 au moyen de la surveillance du virus, à savoir: sa propagation, son évolution et son comportement biologique, autant d'aspects représentant les bases scientifiques sur lesquelles on s'est appuyé pour mettre en place de nombreuses autres mesures. ■

⁹ See http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/summary_candidate_vaccine.pdf

¹⁰ See http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/nibrg_121xp/en/index.html

¹¹ See http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/vaccine_potency_reagents/en/index.html

¹² See <http://www.who.int/csr/disease/swineflu/guidance/laboratory/en/index.html>

⁹ Voir http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/summary_candidate_vaccine.pdf.

¹⁰ Voir http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/nibrg_121xp/en/index.html.

¹¹ Voir http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/vaccine_potency_reagents/en/index.html.

¹² Voir <http://www.who.int/csr/disease/swineflu/guidance/laboratory/en/index.html>.

Global detection of wild and vaccine-derived polioviruses, January 2008–June 2009

A network of 144 laboratories in 97 countries supports the global Polio Eradication Initiative. Established in 1988, the Global Polio Laboratory Network is coordinated by WHO, and isolates and characterizes polioviruses from faecal specimens from cases with acute flaccid paralysis (AFP). Data from the global network guide the Polio Eradication Initiative by confirming polio cases, detecting and determining the origin of poliovirus importations, identifying vaccine-derived polioviruses (VDPVs), and documenting the absence of circulating wild polioviruses (WPVs). This report updates previous reports¹ and summarizes the global network's activities as well as the detection of WPVs and VDPVs between January 2008 and June 2009.

Quality assurance and performance

WHO administers an annual laboratory accreditation programme for all facilities in the global network to evaluate compliance with recommended technical and operating procedures, performance on proficiency tests, and achievement of targets for accurate and timely results. In 2008, modifications were made to the quality assurance and accreditation programme to address the implementation of a revised test algorithm² for more rapid detection of poliovirus. These modifications were initially implemented in 52 laboratories (36%) in WHO's regions of Africa, the Americas, the Eastern Mediterranean and South-East Asia.

Overall, 136 (94%) of 144 network laboratories were fully accredited by WHO in 2008. Six laboratories that were provisionally accredited generally met required standards for accurate results, but had some other performance deficiency. Two non-accredited laboratories failed the proficiency test and are testing samples in parallel with accredited reference laboratories while they resolve performance concerns. Targets for the timely reporting of virus isolation results (*Table 1*) were met in all 6 WHO regions; laboratories in all regions, except the Western Pacific Region, provided $\geq 80\%$ of results from intratypic differentiation (ITD) within 60 days of paralysis onset in AFP cases. However, the timely reporting of ITD results is improving in the Western Pacific Region, with 77% of results reported on time during the first half of 2009, compared with only 40% in 2008.

Workload

Between January 2008 and June 2009, the global network tested 247 794 faecal samples from AFP cases and de-

Détection des poliovirus sauvages et dérivés de souches vaccinales dans le monde, Janvier 2008-juin 2009

Un réseau de 144 laboratoires situés dans 97 pays soutient l'Initiative mondiale pour l'éradication de la poliomyélite. Créé en 1988, le Réseau mondial de laboratoires pour la poliomyélite est coordonné par l'OMS et est chargé d'isoler et de caractériser des poliovirus à partir d'échantillons de selles de sujets présentant une paralysie flasque aiguë (PFA). Les données du Réseau mondial aident l'Initiative pour l'éradication de la poliomyélite en confirmant les cas de poliomyélite, en détectant et en déterminant l'origine des importations de poliovirus, en identifiant les poliovirus dérivés de souches vaccinales (PVDV) et en établissant l'absence de poliovirus sauvages circulants (PVS). Le présent rapport est une mise à jour des précédents rapports¹ et résume les activités du Réseau mondial ainsi que la détection des PVS et des PVDV entre janvier 2008 et juin 2009.

Assurance de la qualité et performance

L'OMS administre un programme d'accréditation annuelle des laboratoires qui concerne tous les établissements du Réseau mondial afin d'évaluer le respect des procédures techniques et opérationnelles recommandées, les résultats des tests de compétence et la réalisation des cibles fixées pour l'exactitude et la rapidité des résultats. En 2008, des modifications ont été apportées au programme d'assurance de la qualité et d'accréditation pour tenir compte de la mise en œuvre d'un algorithme révisé de tests² visant à accélérer la détection des poliovirus. Ces modifications ont dans un premier temps été mises en œuvre dans 52 laboratoires (36%) des Régions OMS de l'Afrique, des Amériques, de l'Asie du Sud-Est et de la Méditerranée orientale.

Dans l'ensemble, 136 (94%) des 144 laboratoires du Réseau ont été pleinement accrédités par l'OMS en 2008. Six laboratoires qui avaient été accrédités à titre provisoire remplissaient en principe les normes requises pour l'exactitude des résultats, mais présentaient des insuffisances en termes de performance. Deux laboratoires non accrédités ont échoué aux tests de compétence et analysent actuellement les échantillons parallèlement à des laboratoires de référence accrédités, le temps de résoudre ces problèmes. Les cibles concernant la rapidité du compte des résultats de l'isolement de virus (*Tableau 1*) ont été atteintes dans les 6 Régions de l'OMS; des laboratoires de toutes les Régions, sauf celle du Pacifique occidental, ont fourni $\geq 80\%$ des résultats de la différenciation intratypique (DIT) dans les 60 jours suivant l'apparition de la paralysie chez les sujets atteints de paralysie flasque aiguë. Toutefois, la rapidité de compte rendu des résultats de la DIT s'améliore dans la Région du Pacifique occidental avec 77% de résultats notifiés à temps au cours du premier semestre 2009, contre seulement 40% en 2008.

Charge de travail

Entre janvier 2008 et juin 2009, le Réseau mondial a testé 247 794 échantillons de selles provenant de sujets atteints de

¹ See No. 36, 2008, pp. 321–327.

² Details of the algorithm are available at http://www.who.int/immunization_monitoring/Supplement_polio_lab_manual.pdf.

¹ Voir N° 36, 2008, pp. 321-327.

² Pour de plus amples précisions sur l'algorithme, consulter: http://www.who.int/immunization_monitoring/Supplement_polio_lab_manual.pdf.

Table 1 **Comparison of number of specimens and poliovirus isolates, percentage of specimens with non-polio enterovirus (NPEV) isolated and timeliness of reporting results, by WHO region and year, January 2008–June 2009**

Tableau 1 **Nombre d'échantillons et d'isolements de poliovirus, pourcentage d'échantillons dans lesquels des entérovirus non poliomyélictiques (EVNP) ont été isolés et délais de réception des résultats, comparaison par Région OMS et par an, janvier 2008-juin 2009**

WHO region – Région OMS	January–December 2008 – Janvier–Décembre 2008						January–June 2009 – Janvier–Juin 2009					
	No. specimens – Nombre d'échantillons	No. poliovirus isolates – Nombre d'isolements de poliovirus		% specimens with NPEV isolated – % d'échantillons dans lesquels des EVNP ont été isolés	% results on time ^a – % de résultats reçus dans les délais ^a	% ITD results within 60 days ^b – % de résultats de la DIT reçus dans les 60 jours suivant le début de la paralysie ^b	No. specimens – Nombre d'échantillons	No. poliovirus isolates – Nombre d'isolements de poliovirus		% specimens with NPEV isolated – % d'échantillons dans lesquels des EVNP ont été isolés	% results on time ^a – % de résultats reçus dans les délais ^a	% ITD results within 60 days ^b – % de résultats de la DIT reçus dans les 60 jours suivant le début de la paralysie ^b
		Wild – Sauvage	Sabin-like – Type Sabin					Wild – Sauvage	Sabin-like – Type Sabin			
Africa – Afrique	29 398	1 652	1 139	15.1	92.7	91.5	17 791	930	1 093	14.8	86.7	88.6
Americas – Amériques	1 885	0	46	8.6	86.0	100.0	1 317	0	25	9.5	88.0	100.0
Eastern Mediterranean – Méditerranée orientale	20 559	321	1 620	16.1	97.8	97.2	10 191	155	824	12.7	95.5	98.1
Europe	3 424	0	49	7.7	97.3	92.9	1 474	0	15	2.0	99.5	100
South-East Asia – Asie du Sud Est	98 332	986	3 217	22.2	86.0	97.0	46 402	236	1 356	23.3	96.8	98.7
Western Pacific – Pacifique occidental	12 512	0	451	10.0	95.0	40.0	4 509	0	164	7.0	96.0	77.0
Global – Total mondial	166 110	2 959	6 522	18.8	89.5	92.7	81 684	1 321	3 477	18.6	94.3	93.2

NPEV, non-polio enterovirus; ITD, intratypic differentiation. – EVNP, entérovirus non poliomyélictiques; DIT, différenciation intratypique.

^a Reported within 14 days for laboratories in WHO's regions of Africa, the Americas, the Eastern Mediterranean and South-East Asia and within 28 days for the regions of Europe and Western Pacific. – Rapportés dans les 14 jours pour les laboratoires des Régions africaine, des Amériques, de l'Asie du Sud-Est et de la Méditerranée orientale. Rapportés dans les 28 jours pour les Régions européenne et du Pacifique occidental.

^b Intratypic differentiation results reported within 60 days of paralysis onset. – Résultats de la différenciation intratypique communiqués dans les 60 jours suivant l'apparition de la paralysie.

tected 14 260 poliovirus isolates and 46 462 non-poliovirus isolates. This represented a 6% overall increase in workload compared with the preceding 18 months.¹ In regions where polio is endemic, workload increased by 21% in the African Region, increased by 5% in the South-East Asia Region and decreased by 13% in the Eastern Mediterranean Region. In polio-free regions of workload decreased by 1% in the Western Pacific Region, increased by 2.5% in the Region of the Americas and increased by 7.7% in the European Region. To improve report timeliness, in addition to implementing the rapid-test algorithm, ITD testing capacity increased in the 44 laboratories in endemic regions: from 16 laboratories in mid-2006 to 24 in 2008; 5 more laboratories are in the process of being upgraded.

Detecting WPVs and determining transmission links

Results from the global network identify the geographical locations where WPVs are found. Between January 2008 and June 2009, the global network detected 4261 WPVs in specimens from cases of AFP in 22 countries (Table 1). Twelve countries had only type-1 WPV (WPV1), 1 country had only type-3 WPV (WPV3) and 9 countries had both WPV1 and WPV3. The majority (63%) of all WPVs reported globally were found in the African Region, where 17 countries had WPVs, compared with 3 countries in the Eastern Mediterranean Region with 8% of WPVs reported and 2 countries in

PFA et détecté 14 260 isolements de poliovirus et 46 462 isolements autres. Cela représente une augmentation générale de 6% de la charge de travail par rapport aux 18 mois précédents.¹ Pour ce qui est des Régions où la poliomyélite sévit à l'état endémique, la charge de travail a augmenté de 21% dans la Région africaine, augmenté de 5% dans la Région de l'Asie du Sud-Est et diminué de 13% dans la Région de la Méditerranée orientale. Pour les Régions exemptes de poliomyélite, elle a diminué de 1% dans la Région du Pacifique occidental, augmenté de 2,5% dans la Région des Amériques et augmenté de 7,7% dans la Région européenne. Pour améliorer la ponctualité, outre la mise en œuvre de l'algorithme d'analyse rapide, les capacités de tests DIT ont augmenté dans les 44 laboratoires des régions d'endémie: on est passé de 16 laboratoires mi-2006 à 24 en 2008; cinq autres laboratoires sont en voie d'amélioration.

Détection des poliovirus sauvages et détermination des liens de transmission

Les résultats obtenus par le Réseau mondial permettent de mieux localiser géographiquement les PVS. Entre janvier 2008 et juin 2009, le Réseau mondial a détecté 4261 PVS dans des échantillons de selles provenant de sujets atteints de PFA dans 22 pays (Tableau 1). Dans 12 pays, on a testé uniquement le poliovirus sauvage de type 1 (PVS1), dans 1 pays uniquement le poliovirus sauvage de type 3 (PVS3) et dans 9 pays à la fois le PVS1 et le PVS3. La majorité (63%) des PVS détectés dans le monde l'ont été dans la Région africaine, où ils étaient présents dans 17 pays, contre 3 dans la Région de la Méditerranée orientale (8% des PVS) et 2 dans la Région de l'Asie du Sud-Est (29%

the South-East Asia Region with 29% of WPVs. No indigenous WPV2 has been found anywhere in the world since 1999.³ Comparative analysis of the nucleotide sequence of the VP1 region of the viral genome allows for identification of the genotype and determination of transmission links based on genetic relatedness. Only 4 WPV genotypes have been detected globally since 2005. One genotype each of WPV1 and WPV3, designated West Africa B (WEAF-B), are endemic to Nigeria. One other genotype each of WPV1 and WPV3, designated South Asia (SOAS), are endemic to Afghanistan, India and Pakistan. Transmission of endemic genotypes continued in all 4 countries during 2008–2009 and accounted for 83% of all reported WPVs.

Table 2 shows that WPVs from AFP cases detected in 18 countries where polio is not endemic were WEAF-B (14 countries) or SOAS (in 3 countries: Angola, the Democratic Republic of the Congo and Nepal) genotypes only, or both (in the Central African Republic). Both WEAF-B WPV1 and WEAF-B WPV3 genotype viruses were found in Benin, Chad, Niger and Sudan; in all but Sudan, this was the result of importation of WPV1 and WPV3 during 2007–2009, originating from Nigeria.³ WPV1 detected in Sudan represented the continuation of an outbreak from 2004. WPV3 detected in the Central African Republic and Sudan represented importations from Chad. In 10 countries (Burkina Faso, Côte d'Ivoire, Ethiopia, Ghana, Guinea, Kenya, Liberia, Mali, Togo and Uganda), only WEAF-B WPV1 was detected. SOAS WPV1 and WPV3 genotypes were both found in Angola and the Democratic Republic of the Congo; SOAS WPV1 was found in the Central African Republic; and SOAS WPV3 was found in Nepal. There have been 3 importations of SOAS WPV into Angola. Circulation of SOAS WPV1 from the first importation in 2005 was interrupted in Angola but continued in the Democratic Republic of the Congo in 2008 after being introduced there in 2006, with subsequent spread to the Central African Republic in 2008. However, in 2008–2009, WPV1 circulation in Angola represented continuation of transmission that had started with a second importation of virus from India in 2007. The third importation was a SOAS WPV3 in 2008 and resulted in continued circulation and exportation to the Democratic Republic of the Congo in 2008.

Importations of WEAF-B WPV1 and SOAS WPV1 viruses into Egypt were detected once each in 2008 through testing of separate sewage samples. The WEAF-B WPV1 was genetically most closely related to WPV1 in Sudan, and the SOAS WPV1 was genetically related to WPV1 in Uttar Pradesh, India, both from the same year. In India, 32 isolates of WPV3 and 3 isolates of WPV1 were detected in 33 of 234 specimens collected in Mumbai during 2008–2009. The WPVs in Mumbai sewage were genetically linked to virus found in AFP cases in Bihar in 2007, and represented at least 2 introductions, both of which led to apparent local transmission, as indicated by multiple detection in sewage of WPV1 for

des PVS). Aucun PVS2 autochtone n'a été décelé nulle part dans le monde depuis 1999.³ L'analyse comparée de la séquence nucléotidique de la région VP1 du génome viral permet l'identification du génotype et la détermination des liens de transmission sur la base de la parenté génétique. Seuls 4 génotypes du poliovirus sauvage ont été décelés dans le monde depuis 2005. Un génotype pour chacun des PVS1 et 3, désigné sous le nom West Africa B (WEAF-B), sévit à l'état endémique au Nigeria. Un autre génotype de chacun des poliovirus sauvages 1 et 3, désigné sous le nom South Asia (SOAS), est endémique en Afghanistan, en Inde et au Pakistan. La transmission des génotypes endémiques s'est poursuivie dans les 4 pays en 2008–2009 et représentait 83% de l'ensemble des PVS signalés.

Le Tableau 2 montre que les poliovirus sauvages provenant des cas de PFA détectés dans 18 pays où la poliomyélite n'est pas endémique appartenaient soit au génotype WEAF-B (14 pays) soit au génotype SOAS (3 pays: Angola, Népal et République démocratique du Congo) ou aux deux à la fois (en République centrafricaine). Les 2 génotypes WEAF-B (PVS1) et WEAF-B (PVS3) ont été trouvés au Bénin, au Niger, au Soudan et au Tchad; dans tous ces pays sauf au Soudan, c'était le résultat de l'importation de PVS1 et de PVS3 en 2007–2009 en provenance du Nigeria.³ Le PVS1 décelé au Soudan représentait la poursuite d'une flambée survenue en 2004. Le PVS3 détecté en République centrafricaine et au Soudan représentait des importations du Tchad. Dans 10 pays (Burkina Faso, Côte d'Ivoire, Ethiopie, Ghana, Guinée, Kenya, Libéria, Mali, Ouganda et Togo), seul le PVS1 (WEAF-B) a été détecté. Les génotypes SOAS des PVS1 et PVS3 ont été tous deux décelés en Angola et en République démocratique du Congo, celui du PVS1 en République centrafricaine et celui du PVS3 au Népal. On a dénombré 3 importations de PVS (SOAS) en Angola. La circulation du PVS1 (SOAS) dû à une première importation en 2005 a été interrompue en Angola mais a continué en République démocratique du Congo en 2008 après y avoir été introduit en 2006; il s'est ensuite propagé à la République centrafricaine en 2008. Toutefois, en 2008–2009, le PVS1 détecté en Angola représentait la poursuite de la transmission qui avait commencé avec une seconde importation du virus à partir de l'Inde en 2007. La troisième importation de PVS3 (SOAS) en 2008 s'est traduite par une poursuite de la circulation et par l'exportation vers la République démocratique du Congo en 2008.

En Egypte, les génotypes WEAF-B et SOAS de poliovirus sauvages de type 1 importés ont été chacun décelés une fois en 2008 dans les analyses d'échantillons distincts provenant d'eaux usées. Le PVS1 (WEAF-B) était génétiquement plus étroitement apparenté au PVS1 du Soudan et le PVS1 (SOAS) génétiquement apparenté au PVS1 de l'Uttar Pradesh (Inde), correspondant à la même année. En Inde, 32 isolements de PVS3 et 3 isolements de PVS1 ont été effectués pour 33 des 234 échantillons recueillis à Mumbai en 2008–2009. Les poliovirus sauvages détectés dans les eaux usées de Mumbai étaient génétiquement reliés au virus retrouvé dans les cas de PFA au Bihar en 2007 et représentaient au moins 2 introductions qui, toutes deux, avaient entraîné une transmission locale apparente, comme en témoignaient les

³ See No. 16, 2009, pp. 133–140.

³ Voir N° 16, 2009, pp. 133–140.

Table 2 **Comparison of number of detected wild poliovirus (WPV) isolates from people with acute flaccid paralysis, by WHO region and country, January 2008–June 2009**

Tableau 2 **Nombre d'isolements de poliovirus sauvages réalisés chez des sujets présentant une paralysie flasque aiguë (PFA), comparaison par Région OMS et par pays, janvier 2008-juin 2009**

WHO region and country – Région OMS et pays	January–December 2008 – Janvier–Décembre 2008				January–June 2009 – Janvier–Juin 2009			
	No. WPV isolates – Nombre d'isolements de poliovirus sauvages	Serotype – Sérotype			No. WPV isolates – Nombre d'isolements de poliovirus sauvages	Serotype – Sérotype		
		P1	P2	P3		P1	P2	P3
Africa – Afrique	1 652	1 385	0	267	930	339	0	591
Angola ^a	56	10	0	46	19	19	0	0
Benin ^b – Bénin ^b	9	5	0	4	39	37	0	2
Burkina Faso ^b	14	10	0	4	25	25	0	0
Central African Republic ^{a, b} – République centrafricaine ^{a, b}	4	4	0	0	23	0	0	23
Chad ^b – Tchad ^b	65	4	0	61	17	0	0	17
Côte d'Ivoire ^b	2	2	0	0	31	31	0	0
Democratic Republic of the Congo ^a – République démocratique du Congo ^a	9	8	0	1	3	0	0	3
Ethiopia ^b – Éthiopie ^b	6	6	0	0	0	0	0	0
Ghana ^b	16	16	0	0	0	0	0	0
Guinea ^b – Guinée ^b	0	0	0	0	26	26	0	0
Kenya ^b	0	0	0	0	30	30	0	0
Liberia ^b – Libéria ^b	0	0	0	0	11	11	0	0
Mali ^b	2	2	0	0	2	2	0	0
Niger ^b	23	15	0	8	28	2	0	26
Nigeria – Nigéria	1440	1297	0	143	651	131	0	520
Togo ^b	6	6	0	0	11	11	0	0
Uganda – Ouganda	0	0	0	0	14	14	0	0
Americas – Amériques	0	0	0	0	0	0	0	0
Eastern Mediterranean – Méditerranée orientale	321	240	0	81	155	139	0	16
Afghanistan	56	47	0	9	22	20	0	2
Pakistan	213	145	0	68	42	26	0	16
Sudan – Soudan	52	48	0	4	87	87	0	0
Europe	0	0	0	0	0	0	0	0
South-East Asia – Asie du Sud-Est	986	126	0	860	236	50	0	186
India – Inde	975	126	0	849	236	50	0	186
Nepal ^a – Népal ^a	11	0	0	11	0	0	0	0
Western Pacific – Pacifique occidental	0	0	0	0	0	0	0	0
Global – Total mondial	2 959	1 751	0	1 208	1 321	528	0	793

WPV, wild poliovirus; WPV1, type-1 WPV; WPV2, type-2 WPV; WPV3, type-3 WPV.

^a WPV1 or WPV3 linked to WPVs that originated in northern India. – Poliovirus appartenant au sérotype 1 ou 3 liés aux poliovirus sauvages originaires du nord de l'Inde.

^b WPV1 linked to WPVs that originated in Nigeria. – Poliovirus appartenant au sérotype 1 liés aux poliovirus sauvages originaires du Nigéria.

approximately 8 months and of WPV3 for approximately 1 year.

Detection of vaccine-derived polioviruses

The global network screens for VDPVs among detected Sabin-like polioviruses. Between January 2008 and June 2009, 9999 Sabin-like viruses from AFP cases were screened and 457 (4.6%) were classified as VDPVs (Table 3). A new real-time reverse-transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) assay has been developed at the United States Centers for Disease Control and Prevention.⁴ Field evaluation of the real-time RT-PCR test continues in 10 network laboratories and includes retrospective testing of known VDPVs as well as previously reported Sabin-like viruses. Approximately 4100 Sabin-like viruses reported since 2006 have been screened with real-time RT-PCR and VP1 nucleotide sequences analysed, as appropriate.

Editorial note. Results from the global network continue to be used to monitor the impact of programmes and to plan supplementary immunization activities (SIAs) to interrupt WPV transmission. There was evidence of programme progress in India based on an overall decline in the total number of WPVs and in the number of WPV3 isolates detected during the current reporting period compared with the previous 18-month reporting period (January 2007–June 2008). This con-

nombreux PVS1 et PVS3 retrouvés dans les eaux usées pendant environ 8 mois et environ 1 an, respectivement.

Détection des poliovirus dérivés de souches vaccinales

Le Réseau mondial recherche des poliovirus dérivés de souches vaccinales parmi les poliovirus de type Sabin détectés. Entre janvier 2008 et juin 2009, 9999 virus de type Sabin provenant de cas de PFA ont été détectés et 457 (4,6%) classés PVDV (Tableau 3). Une nouvelle épreuve de transcription inverse-amplification génique en temps réel (RT-PCR) a été mise au point par les *Centers for Disease Control and Prevention* des Etats-Unis.⁴ L'évaluation sur le terrain de la RT-PCR en temps réel se poursuit dans 10 laboratoires du Réseau et comprend l'analyse rétrospective de PVDV connus et de virus de type Sabin précédemment notifiés. Environ 4100 virus de type Sabin signalés depuis 2006 ont été analysés au moyen de la RT-PCR en temps réel et les séquences nucléotidiques VP1 ont été analysées, le cas échéant.

Note de la rédaction. Les résultats obtenus par le Réseau mondial continuent d'être utilisés pour suivre l'impact des programmes et planifier des activités de vaccination supplémentaires (AVS) afin d'interrompre la transmission du poliovirus sauvage. On a constaté des signes de progrès du programme en Inde, sur la base de la diminution globale du nombre total de PVS et du nombre d'isolements de PVS3 détectés au cours de la période de notification considérée par rapport à la période de notification de 18 mois précédente

Table 3 **Number of vaccine-virus isolates detected from people with acute flaccid paralysis, by WHO region, January 2008– June 2009**
Tableau 3 **Nombre d'isolements de virus vaccin Sabin réalisés chez des personnes présentant une paralysie flasque aiguë, par Région OMS, janvier 2008-juin 2009**

WHO region – Région OMS	Sabin-like ^b – Type Sabin ^b	Vaccine-derived poliovirus ^a isolates – Poliovirus dérivés de souches vaccinales ^a			Total
		cVDPV – Isolements PVDVc	iVDPV – Isolements PVDVi	Ambiguous ^c – Ambigus ^c	
Africa – Afrique	1 784	438	0	10	2 232
Americas – Amériques	70	0	1	0	71
Eastern Mediterranean – Méditerranée orientale	2 444	0	0	0	2 444
Europe	63	0	0	1	64
South-East Asia – Asie du Sud-Est	4 567	0	0	6	4 575
Western Pacific – Pacifique occidental	614	0	0	1	615
Global – Total mondial	9 542	438	1	18	9 999

VDPV, vaccine-derived poliovirus; cVDPV, circulating VDPV; aVDPV, ambiguous VDPV; iVDPV, VDPV associated with a person with immunodeficiency. – PVDV, poliovirus dérivés de souches vaccinales; PVDVc, poliovirus dérivés de souches vaccinales circulants; PVDVa, PVDV ambiguous; PVDVi, poliovirus dérivés de souches vaccinales chez une personne présentant un déficit immunitaire primaire.

^a A vaccine-derived poliovirus is a poliovirus with $\geq 1\%$ sequence difference when compared with Sabin vaccine virus. – Poliovirus dérivé d'une souche vaccinale: un poliovirus qui présente une divergence de séquence $\geq 1\%$ par rapport au virus vaccin Sabin.

^b Sabin-like refers to a virus that has either concordant Sabin-like results in tests of intratypic differentiation or $< 1\%$ sequence difference when compared with Sabin vaccine virus. – Résultats concordant avec ceux du type Sabin dans les tests de différenciation intratypique ou divergence de séquence $< 1\%$ par rapport au virus vaccin Sabin.

^c VDPV isolates that cannot be categorized as cVDPV or iVDPV. – Isolements de poliovirus dérivés de souches vaccinales ne pouvant être rangés dans la catégorie des PVDVi ni des PVDVc.

⁴ Kilpatrick DR et al. Rapid group-, serotype-, and vaccine strain-specific identification of poliovirus isolates by real-time reverse transcription PCR using degenerate primers and probes containing deoxyinosine residues. *Journal of Clinical Microbiology*, 2009, 47:1939–1941.

⁴ Kilpatrick DR et al. Rapid group-, serotype-, and vaccine strain-specific identification of poliovirus isolates by real-time reverse transcription PCR using degenerate primers and probes containing deoxyinosine residues. *Journal of Clinical Microbiology*, 2009, 47:1939–1941.

trasts with a net increase in the number of WPVs detected in 3 other countries where polio is endemic (Afghanistan, Nigeria and Pakistan), and limited evidence of a reduction in the geographical range of transmission among isolates. The situation in Nigeria is of particular concern because of continued WPV1 transmission, expanded transmission of WPV3 and continuation of circulating VDPV2 transmission 4 years after an outbreak began. Progress in improving the quality of SIAs has not adequately addressed gaps in population immunity to all 3 polio serotypes, given the known weaknesses in the routine coverage of oral poliovirus vaccine in Nigeria.

WPV continues to be imported into polio-free areas. Such importations have not always arrived directly from India or Nigeria, but have occurred via intermediate countries that failed to interrupt outbreaks caused by imported WPV. Angola, Burkina Faso, Chad, Côte d'Ivoire, the Democratic Republic of the Congo and Sudan have exported to other countries viruses of Indian or Nigerian origin. Until WPV transmission is interrupted globally, all countries should maintain high coverage of polio immunization and sensitive AFP surveillance to minimize the risk and impact of WPV importations.

The Global Polio Laboratory Network has made remarkable progress in improving the efficiency of testing and reporting times. The transfer of ITD technology has been accomplished even in resource-poor settings in some polio-endemic regions. The achievement of a 50% reduction in reporting time by the global network has allowed for more rapid implementation of responsive SIAs targeted at areas of confirmed WPV circulation. The global network continues to maintain a high standard of performance. Ongoing activities to improve testing efficiency and diagnostic procedures are beneficial to the Polio Eradication Initiative. Successful approaches used to transfer technology within the global network may serve as models for other programmes for disease prevention and control. It is important that financial support for the global network be maintained in all regions. ■

(janvier 2007-juin 2008). Cela contraste avec la nette augmentation du nombre de PVS détectés dans 3 autres pays où la poliomyélite sévit à l'état endémique (Afghanistan, Nigéria et Pakistan), et avec les données limitées attestant d'une réduction de l'étendue géographique de la transmission parmi les isolements. La situation au Nigéria est particulièrement préoccupante en raison de la poursuite de la transmission du PVS1, d'une transmission élargie du PVS3 et de la poursuite de la transmission de PVDV circulants 4 ans après le début d'une flambée. Les progrès dans la qualité des AVS n'ont pas permis de combler suffisamment les lacunes en matière d'immunité de la population pour les 3 sérotypes poliomyélitiques compte tenu des faiblesses de la couverture systématique par le vaccin antipoliomyélitique oral au Nigéria.

Le poliovirus sauvage continue d'être importé dans des zones exemptes de poliomyélite. Ces importations ne proviennent pas toujours directement de l'Inde ou du Nigéria, mais sont survenues via des pays intermédiaires qui ne sont pas parvenus à interrompre les flambées provoquées par des PVS importés. L'Angola, le Burkina Faso, la Côte d'Ivoire, la République démocratique du Congo, le Soudan et le Tchad ont exporté vers d'autres pays des virus d'origine indienne ou nigériane. Tant que la transmission du PVS ne sera pas interrompue au niveau mondial, tous les pays devront maintenir une couverture élevée de la vaccination antipoliomyélitique et une surveillance sensible de la PFA afin de réduire au minimum le risque et l'impact des importations de poliovirus sauvage.

Le Réseau mondial des laboratoires de la poliomyélite a accompli des progrès remarquables en améliorant l'efficacité des tests et la rapidité des résultats. On est parvenu à transférer la technologie DIT même dans des milieux qui manquent de ressources dans certaines régions d'endémie poliomyélitique. Le fait que le Réseau mondial soit parvenu à réduire de 50% le temps de communication des résultats a permis une mise en œuvre plus rapide d'AVS réactives ciblées sur les zones de circulation confirmée du PVS. Le Réseau mondial continue de maintenir un niveau élevé de compétence. Les activités en cours pour améliorer les méthodes diagnostiques et l'efficacité des analyses bénéficient à l'Initiative pour l'éradication de la poliomyélite. Les méthodes efficaces de transfert de technologie au sein du Réseau mondial pourraient servir de modèle à d'autres programmes de lutte contre la maladie et de prévention. Il est important que l'aide financière au Réseau mondial soit maintenue dans toutes les Régions. ■

Monthly report on dracunculiasis cases, January–July 2009

In 2004, during the 57th World Health Assembly, the Ministers of Health of countries where dracunculiasis (guinea-worm disease) is endemic pledged to interrupt transmission of the disease by the end of 2009. To monitor the progress accomplished, the number of cases reported to WHO by national programmes will be regularly published in the *Weekly Epidemiological Report*. ■

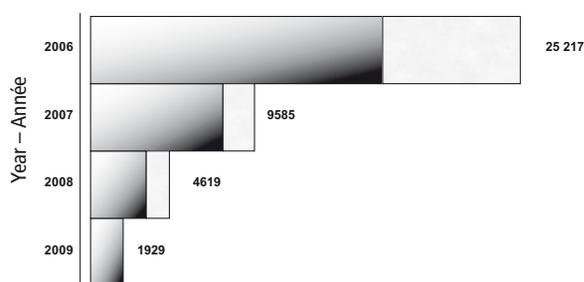
Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-juillet 2009

En 2004, lors de la 57^e Assemblée mondiale de la Santé, les ministres de la santé des pays où la dracunculose (maladie du ver de Guinée) est endémique ont déclaré vouloir faire en sorte que la transmission de cette maladie soit interrompue d'ici à fin 2009. Afin de suivre les progrès réalisés, le *Relevé épidémiologique hebdomadaire* publiera régulièrement le nombre de cas signalés à l'OMS par les programmes nationaux. ■

Country – Pays	Date of last report received – Date du dernier rapport reçu	Proportion of villages under active surveillance reported as of last report (%) – Proportion des villages sous surveillance active signalés comme ayant remis leur dernier rapport (%)	No. of new dracunculiasis cases reported in 2009* – Nombre de nouveaux cas de dracunculose signalés en 2009*												Total no. of reported cases for the same months of – Nombre total de cas signalés au cours des mêmes mois en	No. of villages reporting cases in – Nombre de villages signalant des cas en	Date of emergence of last reported indigenous case – Date d'émergence du dernier cas autochtone signalé
			January – Janvier	February – Février	March – Mars	April – Avril	May – Mai	June – Juin	July – Juillet	2009 to 2009 à ce jour							
Endemic countries – Pays d'endémie																	
Ethiopia – Éthiopie	17 August/août 2009	ND	0	0	1	7	5	8	2	23	38	7	11	38	7	11	July/Juliet 2009
Ghana	24 August/août 2009	93	45	50	28	34	20	7	236	446	52	131	446	52	131	July/Juliet 2009	
Mali	24 August/août 2009	ND	0	0	0	1	7	23	31	198	16	69	198	16	69	July/Juliet 2009	
Niger	18 August/août 2009	100	0	0	1 ^a	0	0	0	0	1 ^a	1 ^b	1	3	1	3	October/octobre 2008	
Nigeria – Nigéria	18 August/août 2009	68	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	5	37	0	5	November/novembre 2008
Sudan – Soudan ^c	26 August/août 2009	83	12	18	47	223	434	461	443	1638	2572	666	1243	2572	666	1243	July/Juliet 2009
Precertification countries – Pays au stade de la précertification																	
Benin – Bénin	18 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	March/mars 2004
Burkina Faso	19 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	1 ^a	0	1	1	0	1	November/novembre 2006
Chad – Tchad	20 August/août 2009	ND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	September/ septembre 2000
Côte d'Ivoire	26 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	July/Juliet 2006
Kenya	23 September/ septembre 2008	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0	0	ND	0	0	ND	0	October/octobre 1994
Mauritania – Mauritanie	30 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	June/June 2004
Togo	24 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	December/ Décembre 2006
Uganda – Ouganda	20 August/août 2009	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	July/Juliet 2003
Total			57	68	101	258	474	496	475	1929	3293	742	1463	3293	742	1463	

Source: Ministries of Health – Source: Ministères de la Santé
^a Dracunculiasis reported cases (provisional data) by month of emergence of first worm; both indigenous and imported cases. – Cas de dracunculose signalés (données provisoires), par mois d'émergence du premier ver, cela concerne à la fois les cas importés et autochtones.
^b Case reported to be imported from Ghana. – Cas de dracunculose signalé comme ayant été importé du Ghana.
^c Case reported to be imported from Mali. – Cas de dracunculose signalé comme ayant été importé du Mali.
^d Data for April and May were taken from the previous report (see No. 22, 2009, p. 212) and updated. – Les données utilisées pour les mois d'avril et de mai ont été tirées du précédent rapport (voir No. 22, 2009, p. 212) et mises à jour.
 ND, no data received. – ND, données non reçues.

No. of dracunculiasis cases reported worldwide, 2006–2009
Nombre de cas de dracunculose signalés dans le monde, 2006-2009



The shaded portion indicates the total number of dracunculiasis cases reported for the same period in 2009. – La portion colorée indique le nombre total de cas de dracunculose pour la même période en 2009.

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