



World Health
Organization

Organisation mondiale de la Santé

Weekly epidemiological record Relevé épidémiologique hebdomadaire

21 OCTOBER 2011, 86th YEAR / 21 OCTOBRE 2011, 86^e ANNÉE

No. 43, 2011, 86, 469–480

<http://www.who.int/wer>

Contents

- 469 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness
- 480 Standardization of terminology of the pandemic A(H1N1) 2009 virus

Sommaire

- 469 Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux zoonosiques et mise au point de virus vaccins candidats en vue de la préparation à une pandémie
- 480 Normalisation de la terminologie pour le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009

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

September 2011

The development of representative candidate influenza vaccine viruses, coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for pandemic preparedness. Comparisons of the candidate vaccine viruses with respect to antigenicity and their relationship to newly emerging viruses are ongoing and will be periodically reported by WHO. An update of current and completed vaccine clinical trials can be found on the WHO web-site.¹

Influenza A(H5N1)

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

Influenza A(H5N1) activity: 16 February–19 September 2011

A(H5N1) viruses have been detected in birds in Africa, Asia, and the Middle East. Human infections have been reported to the WHO from Bangladesh, Cambodia,

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

Septembre 2011

La mise au point de virus vaccins grippaux candidats représentatifs, coordonnée par l'OMS, reste une composante essentielle de la stratégie mondiale de préparation à une pandémie. Les comparaisons entre virus vaccins candidats – s'agissant de leur antigénicité et de leur parenté avec les nouveaux virus émergents – se poursuivent et l'OMS en rendra compte périodiquement. On trouvera sur le site Web de l'Organisation une mise à jour des essais cliniques en cours ou achevés portant sur des vaccins.¹

Grippe A (H5N1)

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

Activités de la grippe A (H5N1): 16 février-19 septembre 2011

Des virus A (H5N1) ont été retrouvés chez des oiseaux en Afrique, en Asie et au Moyen-Orient. Des infections chez l'homme ont été notifiées à l'OMS par le Bangladesh, le

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

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

10.2011
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

¹ Table on clinical trials of pandemic and potentially pandemic influenza vaccines. World Health Organization, 2011 (http://www.who.int/vaccine_research/diseases/influenza/flu_trials_tables/en/index.html, accessed October 2011).

¹ Table on clinical trials of pandemic and potentially pandemic influenza vaccines. Organisation mondiale de la Santé, 2011 (http://www.who.int/vaccine_research/diseases/influenza/flu_trials_tables/en/index.html, consulté en octobre 2011).

Egypt and Indonesia, countries in which infections have also been reported in birds (*Table 1*).

Antigenic and genetic characteristics

The nomenclature for phylogenetic relationships among the haemagglutinin (HA) genes of A(H5N1) viruses has been recently revised 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. The updated nomenclature report will be published in the journal *Influenza and Other Respiratory Viruses* and on the WHO website.

Viruses circulating and characterized from 16 February to 19 September 2011 belonged to the following clades.

Clade 1.1 (previously part of clade 1) viruses were detected in poultry and humans in Cambodia and in poultry in Viet Nam. Genetic characterization of the HA genes of these viruses showed that they were closely related to clade 1.1 viruses that had circulated earlier in these countries. The HA genes from the viruses isolated from humans were located in 2 genetic groups (*Figure 1*); the human viruses reacted well with post-infection ferret antisera against the clade 1 viruses A/Viet Nam/1203/2004 and A/Viet Nam/1194/2004 from which candidate vaccine viruses have been developed (*Table 5*).

Clade 2.2.1 viruses continue to circulate in backyard poultry in Egypt with sporadic transmission to humans.

Cambodge, l'Égypte et l'Indonésie, pays dans lesquels des infections ont également été signalées chez les oiseaux (*Tableau 1*).

Caractéristiques antigéniques et génétiques

La nomenclature des liens de parenté phylogénétique existant entre les gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A (H5N1) a été récemment révisée 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'instituts universitaires. Le rapport portant sur cette actualisation de la nomenclature sera publié dans la revue *Influenza and Other Respiratory Viruses* et sur le site Web de l'OMS.

Les virus circulant et caractérisés entre le 16 février et le 19 septembre 2011 appartiennent aux clades qui suivent.

Des virus du *clade 1.1* (faisant auparavant partie du clade 1) ont été détectés chez des volailles et des personnes au Cambodge et chez des volailles au Viet Nam. La caractérisation génétique des gènes HA de ces virus a montré qu'ils étaient étroitement apparentés aux virus du clade 1.1 ayant circulé précédemment dans ces pays. Les gènes HA des virus isolés chez l'homme appartenaient à 2 groupes génétiques (*Figure 1*); les virus humains ont bien réagi en présence d'immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus A/Viet Nam/1203/2004 et A/Viet Nam/1194/2004 du clade 1, à partir desquels les virus vaccins candidats ont été mis au point (*Tableau 5*).

Des virus appartenant au *clade 2.2.1* continuent de circuler chez les volailles domestiques en Égypte avec transmission sporadi-

Table 1 **Worldwide influenza A(H5N1) activity, 16 February – 19 September 2011**
Tableau 1 **Activité de la grippe A(H5N1) dans le monde, 16 février-19septembre 2011**

Country, area or territory – Pays, zones ou territoires	Host – Hôte	Genetic clade – Clade génétique
Bangladesh	Poultry – Volailles	2.2.2/2.3.2.1/2.3.4.2
	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1
	Human (2) ^a – Homme (2) ^a	2.2.2
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volailles	1.1
	Human (7) – Homme (7)	1.1
China, Hong Kong SAR – Chine, Hong Kong RAS	Poultry – Volailles	2.3.2.1/2.3.4
Egypt – Égypte	Poultry – Volailles	2.2.1/2.2.1.1
	Humans (29) – Homme (29)	2.2.1
India – Inde	Poultry – Volailles	2.3.2.1
Indonesia – Indonésie	Poultry – Volailles	Unknown – Inconnu
	Humans (7) – Homme (7)	Unknown – Inconnu
Israel – Israël	Poultry – Volailles	2.2.1
Japan – Japon	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1
	Poultry – Volailles	2.3.2.1
Republic of Korea – République de Corée	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1
	Poultry – Volailles	2.3.2.1
Mongolia – Mongolie	Wild bird – Oiseaux sauvages	Unknown – Inconnu
Myanmar	Poultry – Volailles	2.3.2.1/2.3.4.2
Viet Nam	Poultry – Volailles	1.1/2.3.2.1

^a Numbers in parentheses denote the number of reported cases occurring during this period. – Les chiffres entre parenthèses correspondent au nombre de cas confirmés survenus au cours de cette période.

All recent human A(H5N1) viruses in Egypt belong to this clade (*Figure 2*). Clade 2.2.1 viruses were also detected in poultry in Israel. Viruses isolated during this period were genetically similar to those isolated previously. Recent human viruses reacted well with post-infection ferret antiserum against A/Egypt/N03072/2010 from which a candidate vaccine virus has been developed (*Table 5*).

Clade 2.2.1.1 (previously part of clade 2.2.1) viruses continued to circulate primarily within the commercial poultry sector in Egypt and were isolated from this population during the reporting period. Genetically these viruses were similar to other recent clade 2.2.1.1 viruses (*Figure 2*).

Clade 2.2.2 (previously part of clade 2.2) viruses were detected in poultry and humans in Bangladesh. Genetically these viruses were similar to viruses detected in this region in previous years (*Figure 2*). Post-infection ferret antisera against the clade 2.2 viruses A/chicken/India/NIV33487/2006 and A/bar-headed goose/Qinghai Lake/1A/2005, from which candidate vaccine viruses have been developed (*Table 5*), reacted well with the recent clade 2.2.2 viruses.

Clade 2.3.2.1 (previously part of clade 2.3.2) viruses were detected in wild birds in Bangladesh, Japan and the Republic of Korea, and also in poultry in Bangladesh, China Hong Kong Special Administrative Region (China Hong Kong SAR), India, Japan, Myanmar, Republic of Korea and Viet Nam. Although there is some genetic (*Figure 3*) and antigenic heterogeneity among viruses of this clade, recently isolated viruses reacted well with post-infection ferret antisera against either A/Hong Kong/6841/2010 (an A/Hubei/1/2010-like virus) or A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (*Tables 2 and 3*), from which candidate vaccine viruses have been developed (*Table 5*).

que à l'homme. Tous les virus A (H5N1) récemment retrouvés chez l'homme en Égypte appartiennent à ce clade (*Figure 2*). Des virus appartenant au clade 2.2.1 ont également été détectés chez des volailles en Israël. Ceux isolés au cours de cette période sont comparables sur le plan génétique à ceux isolés précédemment. Les virus récemment retrouvés chez l'homme ont bien réagi en présence d'immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation du virus A/Egypt/N03072/2010, à partir duquel un virus vaccin candidat a été mis au point (*Tableau 5*).

Des virus appartenant au *clade 2.2.1.1* (faisant auparavant partie du clade 2.2.1) ont continué de circuler essentiellement dans le secteur commercial des volailles en Égypte et ont été isolés dans cette population au cours de la période de notification. Génétiquement, ces virus sont comparables aux autres virus récents appartenant au clade 2.2.1.1 (*Figure 2*).

Des virus appartenant au *clade 2.2.2* (faisant auparavant partie du clade 2.2) ont été dépistés chez des volailles et chez l'homme au Bangladesh. Sur le plan génétique, ces virus sont comparables aux virus détectés dans cette région au cours des années précédentes (*Figure 2*). Des immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus A/chicken/India/NIV33487/2006 et A/barheaded goose/Qinghai Lake/1A/2005 appartenant au clade 2.2, à partir desquels des virus vaccins candidats ont été mis au point (*Tableau 5*), ont bien réagi en présence des virus récents du clade 2.2.2.

Des virus appartenant au *clade 2.3.2.1* (faisant auparavant partie du clade 2.3.2) ont été détectés chez des oiseaux sauvages au Bangladesh, au Japon et en République de Corée, ainsi que chez des volailles au Bangladesh, en Chine (Région administrative spéciale (RAS) de Hong Kong), en Inde, au Japon, au Myanmar, en République de Corée et au Viet Nam. Bien qu'il y ait une certaine hétérogénéité génétique (*Figure 3*) et antigénique parmi les virus de ce clade, les virus isolés récemment ont bien réagi en présence d'immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus A/Hong Kong/6841/2011 (un virus de type A/Hubei/1/2010) ou A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (*Tableaux 2 et 3*), à partir desquels des virus vaccins candidats ont été mis au point (*Tableau 5*).

Table 2 **Antigenic properties of recent A/Hubei/1/2010-like clade 2.3.2.1 influenza A(H5N1) viruses**

Tableau 2 **Propriétés antigéniques des virus grippaux A (H5N1) de type A/Hubei/1/2010 récents, appartenant au clade 2.3.2.1**

Antigens – Antigènes	Clade	Reference ferret antisera – Immunsérums de furet de référence			
		cm/HK/07	bhg/Mon/09	HK/6841/10	Anhui/1/05
Reference antigens – Antigènes de référence					
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007	2.3.2.1	640	160	320	<10
A/bar-headed goose/Mongolia/x53/2009	2.3.2.1	320	160	640	<10
A/Hong Kong/6841/2010*	2.3.2.1	160	80	320	<10
A/Anhui/1/2005	2.3.4	20	<10	10	320
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/duck/Viet Nam/NCVD-671/2011	2.3.2.1	20	20	80	<10
A/chicken/Viet Nam/NCVD-703/2011	2.3.2.1	10	40	160	<10
A/chicken/Viet Nam/NCVD-675/2011	2.3.2.1	40	80	160	<10
A/duck/Viet Nam/NCVD-664/2010	2.3.2.1	40	10	80	<10
A/chicken/Viet Nam/NCVD-700/2011	2.3.2.1	10	40	80	<10
A/crow/Bangladesh/1008/2011	2.3.2.1	160	10	320	<10

*A/Hong Kong/6841/2010 is a A/Hubei/1/2010-like virus. – Le virus A/Hong Kong/6841/2010 est un virus de type A/Hubei/1/2010-like.

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

Table 3 **Antigenic properties of recent A/barn swallow/Hong Kong/1161-2010-like clade 2.3.2.1 influenza A(H5N1) viruses**
 Tableau 3 **Propriétés antigéniques des virus grippaux A (H5N1) de type A/barn swallow/Hong Kong/1161-2010 récents, appartenant au clade 2.3.2.1**

Antigens – Antigènes	Clade	Reference ferret antisera – Immunsérums de furet de référence		
		dk/VN/1455/06	cm/HK/07	bs/HK/1161/10
Reference antigens – Antigènes de référence				
A/muscovy duck/Viet Nam/1455/2006	2.3.2	80	40	<20
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007	2.3.2.1	80	160	80
A/barn swallow/Hong Kong/1161/2010	2.3.2.1	<20	40	160
Test antigens – Antigènes d'épreuve				
A/goose/Hong Kong/631/2009	2.3.2.1	<20	<20	40
A/oriental magpie robin/Hong Kong/470.1/2011	2.3.2.1	<20	<20	80
A/large-billed crow/Hong Kong/497/2011	2.3.2.1	<20	<20	80
A/black-headed gull/Hong Kong/709/2011	2.3.2.1	<20	<20	80
A/chicken/Hong Kong/884.2/2011	2.3.2.1	<20	<20	80
A/swine/Guangxi/NS592/2011	2.3.2.1	<20	<20	80

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

A *Clade 2.3.4* virus was detected in a poultry carcass in China Hong Kong SAR. Antigenically and genetically this virus was similar to clade 2.3.4 viruses circulating in recent years (*Figure 4*).

Clade 2.3.4.2 (previously part of 2.3.4) viruses were detected in poultry in Bangladesh and Myanmar. Representative viruses from these countries were genetically similar to each other (*Fig. 4*) but showed reduced reactivity with post-infection ferret antisera against the clade 2.3.4 viruses A/chicken/Hong Kong/AP156/2008, A/duck/Laos/3295/2006, and A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (*Table 4*), from which candidate vaccine viruses have been developed (*Table 5*).

Influenza A(H5N1) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiological data, development of a new clade 2.3.4.2 A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011-like candidate vaccine virus is proposed. The available candidate A(H5N1) vaccine viruses are listed in *Table 5*. On the basis of geographic spread, epidemiology and antigenic and genetic properties of the A(H5N1) viruses in particular locations, national authorities may consider the

Un virus appartenant au *clade 2.3.4* a été retrouvé dans une carcasse de volaille en Chine (RAS de Hong Kong). Sur le plan antigénique et génétique, ce virus est comparable aux virus du clade 2.3.4 ayant circulé ces dernières années (*Figure 4*).

Des virus appartenant au *clade 2.3.4.2* (faisant auparavant partie du clade 2.3.4) ont été détectés chez des volailles au Bangladesh et au Myanmar. Des virus représentatifs de ces pays sont comparables les uns aux autres sur le plan génétique (*Figure 4*) mais ont montré une réactivité réduite en présence d'immunsérums de furet postinfection obtenus après inoculation des virus du clade 2.3.4 A/chicken/Hong Kong/AP156/2008, A/duck/Laos/3295/2006 et A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (*Tableau 4*), à partir desquels des virus vaccins candidats ont été mis au point (*Tableau 5*).

Virus vaccins candidats contre la grippe A (H5N1)

En se basant sur les données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, la mise au point d'un nouveau virus vaccinal candidat de type A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011 appartenant au clade 2.3.4.2 est proposée. Les virus vaccins candidats contre la grippe A (H5N1) disponibles sont énumérés dans le *Tableau 5*. Sur la base de la propagation géographique, de l'épidémiologie et des propriétés antigéniques et génétiques des virus A (H5N1) dans certains endroits, les autorités nationales

Table 4 **Antigenic properties of a recent clade 2.3.4.2 influenza A(H5N1) virus**
 Tableau 4 **Propriétés antigéniques des virus grippaux A (H5N1) appartenant au clade 2.2.1**

Antigens – Antigènes	Clade	Reference ferret antisera – Immunsérums de furet de référence		
		dk/Laos/3295/06	jwe/HK/1038/06	ck/HK/AP156/08
Reference antigens – Antigènes de référence				
A/duck/Laos/3295/2006	2.3.4	640	20	Not tested – Non testé
A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006	2.3.4	640	160	Not tested – Non testé
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008	2.3.4	<10	<10	640
Test antigens – Antigènes d’épreuve				
A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011	2.3.4.2	20	<10	20

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

Table 5 **Status of development of influenza A(H5N1) candidate vaccine viruses, September 2011**
 Tableau 5 **État d'avancement de la mise au point des virus vaccins candidats contre la grippe A (H5N1), septembre 2011**

Virus	Clade	Institution ^a	Availability – Disponibilité
Available candidate vaccine viruses – Virus vaccins candidats disponibles			
A/Cambodia/R0405050/2007	1.1	NIBSC	Yes – Oui
A/Viet Nam/1203/2004	1	CDC and SJ/HKU	Yes – Oui
A/Viet Nam/1194/2004	1	NIBSC	Yes – Oui
A/duck/Hunan/795/2002	2.1	SJ/HKU	Yes – Oui
A/Indonesia/5/2005	2.1.3.2	CDC	Requires permission from Indonesian government – Nécessite la permission du gouvernement indonésien
A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005	2.2	SJ/HKU	Yes – Oui
A/chicken/India/NIV33487/2006	2.2	CDC/NIV	Yes – Oui
A/whooper swan/Mongolia/244/2005	2.2	SJ	Yes – Oui
A/Egypt/3300-NAMRU3/2008	2.2.1.1	CDC	Yes – Oui
A/Egypt/2321-NAMRU3/2007	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/turkey/Turkey/1/2005	2.2.1	NIBSC	Yes – Oui
A/Egypt/N03072/2010	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007	2.3.2.1	SJ/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008	2.3.4	SJ/HKU	Yes – Oui
A/Anhui/1/2005	2.3.4	CDC	Yes – Oui
A/duck/Laos/3295/2006	2.3.4	FDA	Yes – Oui
A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006	2.3.4	SJ/HKU	Yes – Oui
A/goose/Guizhou/337/2006	4	SJ/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Viet Nam/NCVD-016/2008	7.1	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccins candidats en préparation			
A/chicken/Viet Nam/NCVD-03/2008	7.1	CDC	Pending – En attente
A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010	2.3.2.1	SJ/HKU	Pending – En attente
A/Hubei/1/2010	2.3.2.1	CDC	Pending – En attente
Viruses proposed by WHO for candidate vaccine virus preparation – Virus proposés par l'OMS pour la préparation de vaccins candidats			
A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011-like	2.3.4.2	Pending – En attente	

^a CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; CDC/NIV, Centers for Disease Control and Prevention, United States, in collaboration with the National Institute of Virology, India; FDA, Food and Drug Administration, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency, England; SJ, St Jude Children's Research Hospital, United States; SJ/HKU, St Jude Children's Research Hospital, United States, in collaboration with the University of Hong Kong, China, Hong Kong Special Administrative Region. – CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; CDC/NIC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis en collaboration avec le National Institute of Virology, Inde; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency, Angleterre; SJ, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis; HKU, Université de Hong Kong, Hong Kong, région administrative spéciale de Chine.

use of one or more of these candidate vaccine viruses for pilot lot vaccine production, for clinical trials and other pandemic preparedness purposes.

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

Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry populations in parts of Asia and the Middle East. Although characterization data on recent A(H9N2) viruses from many regions are limited, the majority of viruses that have been sequenced belong to the G1 clade or the

peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccins candidats pour la production de lots de vaccins pilotes destinés à des essais cliniques et à la préparation à une pandémie.

Au fur et à mesure de l'évolution des virus, de nouveaux virus vaccins candidats contre la grippe A (H5N1) vont être mis au point et annoncés dès qu'ils seront disponibles. Les institutions, les firmes et autres entités souhaitant recevoir ces virus vaccins candidats doivent contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-whoq@who.int ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

Grippe A (H9N2)

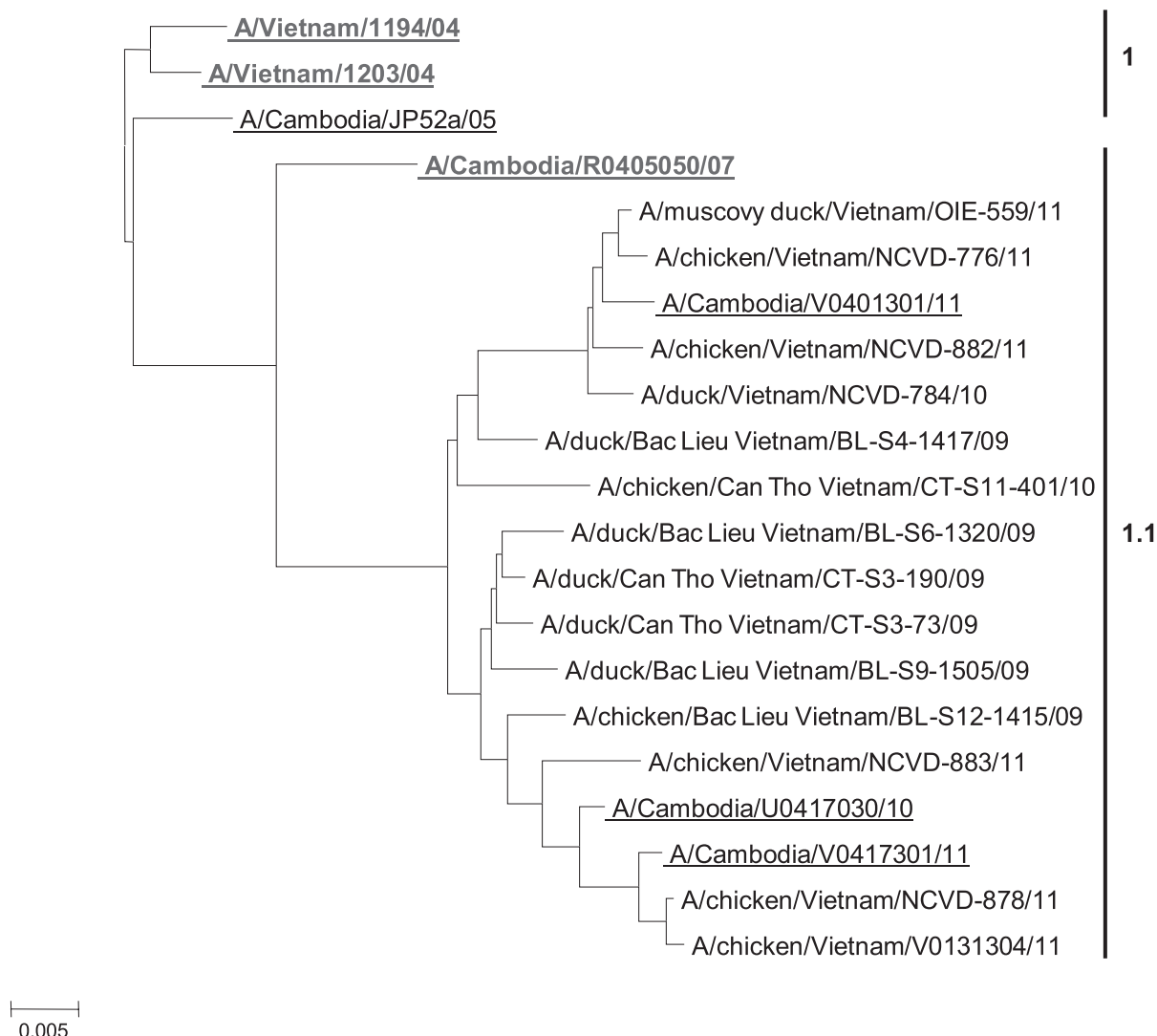
Les virus grippaux A (H9N2) sont enzootiques dans les populations de volailles de certaines parties d'Asie et du Moyen-Orient. Bien que les données relatives à la caractérisation des virus A (H9N2) récents provenant de nombreuses régions soient limitées, la majorité de ceux qui ont été séquencés appartiennent

² See <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>, accessed October 2011.

² Voir <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>, consulté en octobre 2011.

Figure 1 **Phylogenetic relationships of influenza A(H5N1) clades 1 and 1.1 virus haemagglutinin (HA) genes showing available (in bold) vaccine viruses. Human viruses are underlined.**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A (H5N1) montrant les virus vaccins appartenant aux clades 2.2, 2.2.1, 2.2.2 et 2.2.1.1 montrant les virus vaccins disponibles (en gras). Les virus humains sont soulignés.**



We gratefully acknowledge the contributions of the originating laboratories and countries which have provided samples and/or submitted sequence data to the DNA Data Bank of Japan, the European Molecular Biology Laboratory (England), GenBank, the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) and other public databases. Sequences have also been provided the United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU). – Nous remercions sincèrement pour leurs contributions les laboratoires et pays d'origine ayant fourni des échantillons et/ou soumis les données du séquençage à la Banque d'ADN du Japon, au Laboratoire européen de biologie moléculaire (Angleterre), au GenBank, à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) et autres banques de données publiques. Des séquences ont également été fournies par le Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation.

chicken/Beijing (Y280/G9) clade. Since 1998, when the first human infection was detected, the isolation of A(H9N2) viruses from humans and swine has been reported infrequently. In all human cases the associated disease symptoms have been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

Human influenza A(H9N2) infection: 16 February–September 2011

There has been one human case of A(H9N2) infection detected in Bangladesh in this reporting period. This

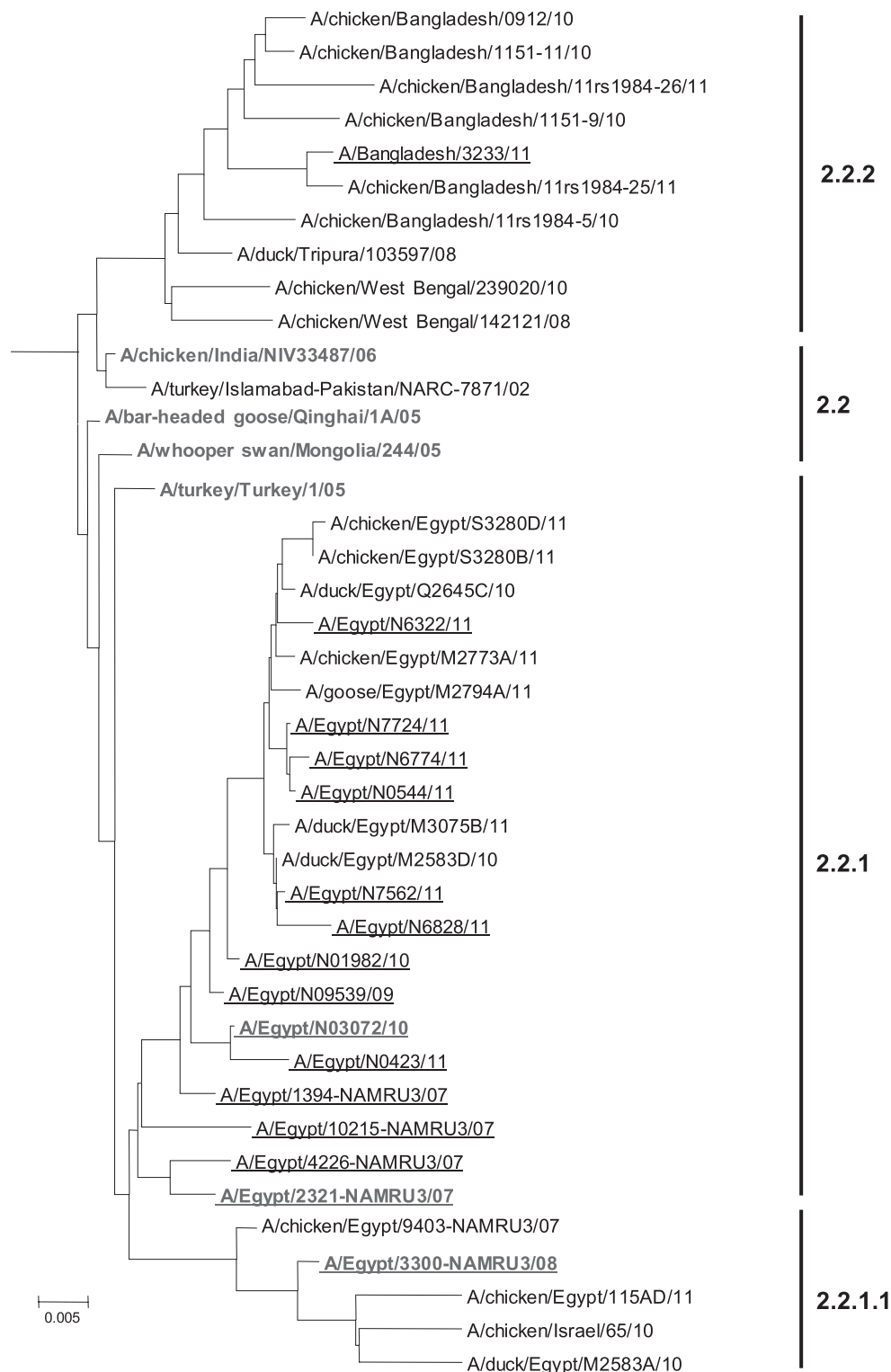
nent au clade G1 ou au clade chicken/Beijing (Y280/G9). Depuis 1998, année au cours de laquelle la première infection a été dépistée chez l'homme, l'isolement des virus A (H9N2) chez l'homme et chez le porc a été peu souvent notifié. Dans tous les cas connus chez l'homme, les symptômes associés ont été bénins et aucune transmission interhumaine n'a été mise en évidence.

Infection humaine par le virus grippal A (H9N2): 16 février-19 septembre 2011

On a enregistré un cas d'infection humaine par le virus A (H9N2) au Bangladesh au cours de cette période de notifica-

Figure 2 **Phylogenetic relationships of influenza A(H5N1) clades 2.2, 2.2.1, 2.2.2 and 2.2.1.1 virus haemagglutinin (HA) genes showing available (in bold) vaccine viruses. Human viruses are underlined.**

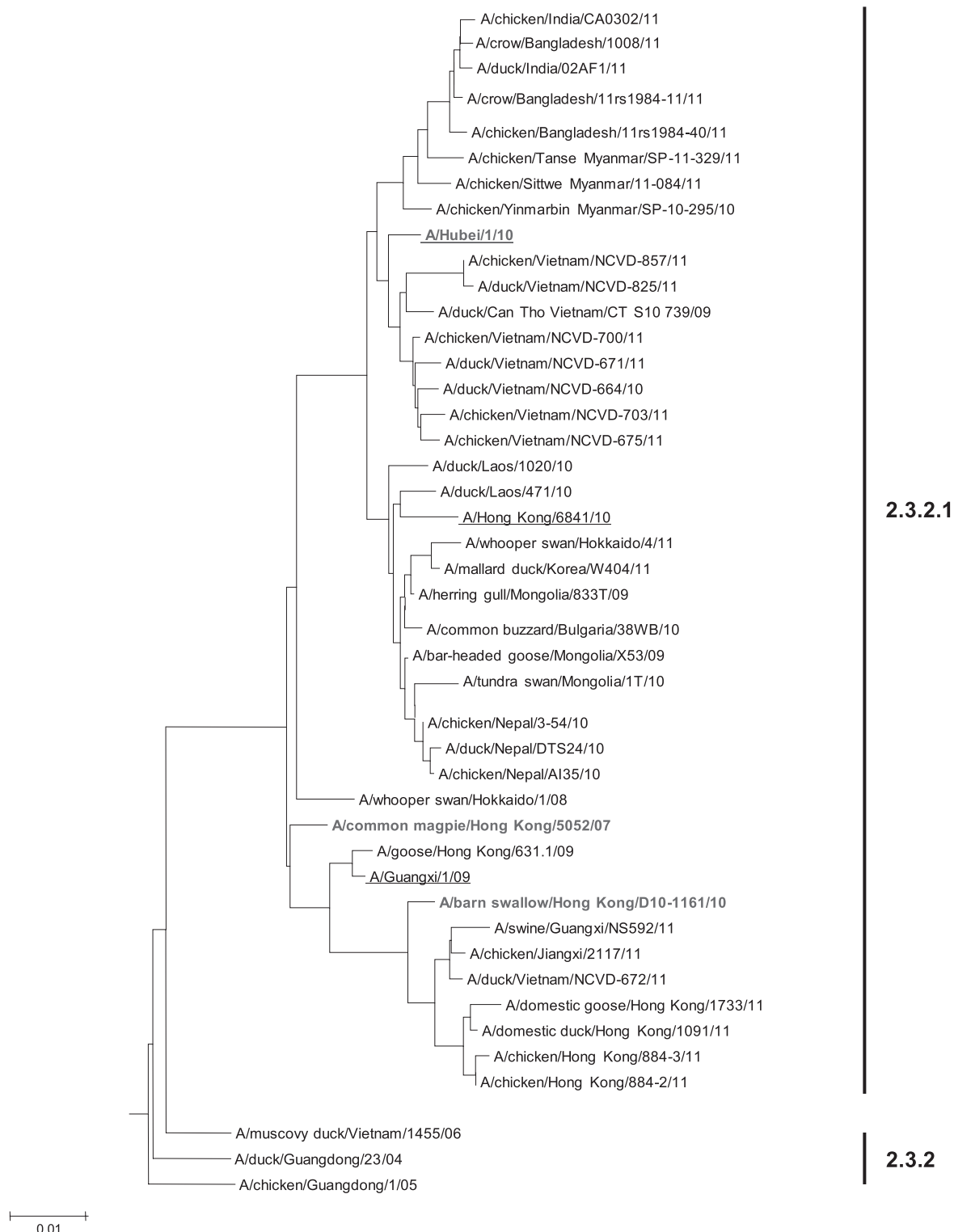
Figure 2 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A (H5N1) montrant les virus vaccins appartenant aux clades 1 et 1.1 montrant les virus vaccins disponibles (en gras). Les virus humains sont soulignés.**



We gratefully acknowledge the contributions of the originating laboratories and countries which have provided samples and/or submitted sequence data to the DNA Data Bank of Japan, the European Molecular Biology Laboratory (England), GenBank, the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) and other public databases. Sequences have also been provided the United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU). – Nous remercions sincèrement pour leurs contributions les laboratoires et pays d'origine ayant fourni des échantillons et/ou soumis les données du séquençage à la Banque d'ADN du Japon, au Laboratoire européen de biologie moléculaire (Angleterre), au GenBank, à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) et autres banques de données publiques. Des séquences ont également été fournies par le Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation.

Figure 3 **Phylogenetic relationships of influenza A(H5N1) clades 2.3.2 and 2.3.2.1 virus haemagglutinin (HA) genes showing available (in bold) vaccine viruses. Human viruses are underlined.**

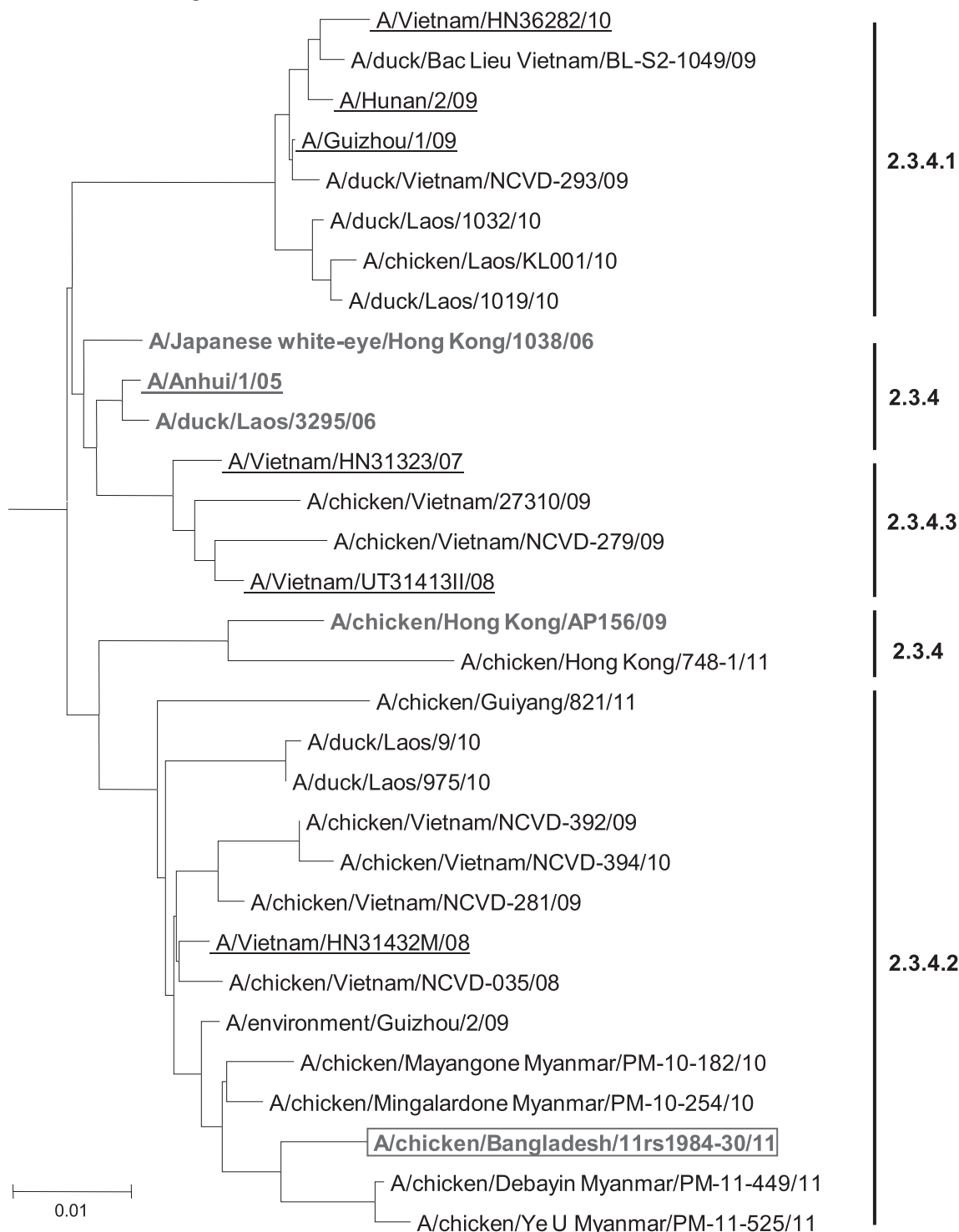
Figure 3 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A (H5N1) montrant les virus vaccins appartenant aux clades 2.3.2 et 2.3.2.1 montrant les virus vaccins disponibles (en gras). Les virus humains sont soulignés.**



We gratefully acknowledge the contributions of the originating laboratories and countries which have provided samples and/or submitted sequence data to the DNA Data Bank of Japan, the European Molecular Biology Laboratory (England), GenBank, the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) and other public databases. Sequences have also been provided the United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU). – Nous remercions sincèrement pour leurs contributions les laboratoires et pays d'origine ayant fourni des échantillons et/ou soumis les données du séquençage à la Banque d'ADN du Japon, au Laboratoire européen de biologie moléculaire (Angleterre), au GenBank, à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) et autres banques de données publiques. Des séquences ont également été fournies par le Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation.

Figure 4 **Phylogenetic relationships of influenza A(H5N1) clades 2.3.4, 2.3.4.1, 2.3.4.2 and 2.3.4.3 virus haemagglutinin (HA) genes showing available (in bold) and proposed vaccine viruses (in a box). Human viruses are underlined.**

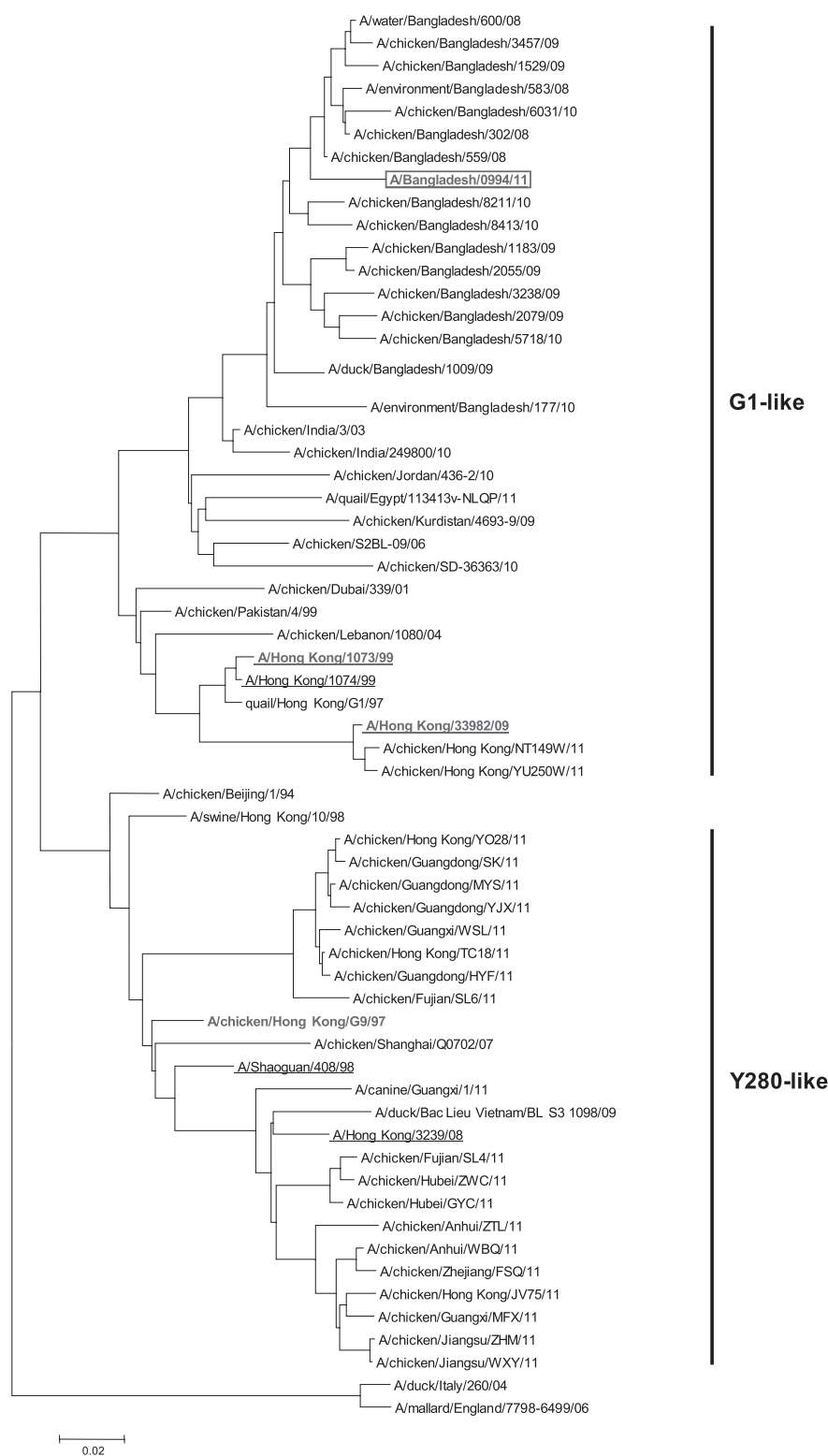
Figure 4 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A (H5N1) montrant les virus vaccins appartenant aux clades 2.3.4, 2.3.4.1, 2.3.4.2 et 2.3.4.3 montrant les virus vaccins disponibles (en gras) et proposés (dans une boîte). Les virus humains sont soulignés.**



We gratefully acknowledge the contributions of the originating laboratories and countries which have provided samples and/or submitted sequence data to the DNA Data Bank of Japan, the European Molecular Biology Laboratory (England), GenBank, the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) and other public databases. Sequences have also been provided the United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU). – Nous remercions sincèrement pour leurs contributions les laboratoires et pays d'origine ayant fourni des échantillons et/ou soumis les données du séquençage à la Banque d'ADN du Japon, au Laboratoire européen de biologie moléculaire (Angleterre), au GenBank, à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) et autres banques de données publiques. Des séquences ont également été fournies par le Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation.

Figure 5 **Phylogenetic relationships of influenza A(H9N2) virus haemagglutinin (HA) genes showing available (in bold) and proposed vaccine viruses (in a box). Human viruses are underlined.**

Figure 5 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine (HA) des virus grippaux A(H9N2) montrant les virus vaccins disponibles (en gras) et proposés (dans une boîte). Les virus humains sont soulignés.**



We gratefully acknowledge the contributions of the originating laboratories and countries which have provided samples and/or submitted sequence data to the DNA Data Bank of Japan, the European Molecular Biology Laboratory (England), GenBank, the Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) and other public databases. Sequences have also been provided the United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU). – Nous remercions sincèrement pour leurs contributions les laboratoires et pays d'origine ayant fourni des échantillons et/ou soumis les données de séquençage à la Banque d'ADN du Japon, au Laboratoire européen de biologie moléculaire (Angleterre), au GenBank, à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) et autres banques de données publiques. Des séquences ont également été fournies par le Réseau d'experts de la grippe animale (OFFLU) de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation.

virus was genetically and antigenically similar to A(H9N2) viruses circulating in poultry in Bangladesh in previous years (*Figure 5*) but distinct from viruses from which candidate vaccine viruses have been developed (*Table 6*). Accordingly, the development of an A/Bangladesh/0994/2011-like candidate vaccine virus is proposed (*Table 6*).

As the viruses continue to evolve, new influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses will be developed and announced as they become available. Institutions, companies and others who wish to receive these candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-whohq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

Swine-origin influenza A(H3N2)

Swine influenza A(H3N2) viruses are enzootic in swine herds of North America and other parts of the world. Characterization of recent A(H3N2) viruses from swine in North America indicates that their HA genes have evolved from the human virus precursors that circulated in the mid-1990s. Isolation of swine-origin influenza viruses (SOIV) A(H3N2) from humans has been reported infrequently. The United States reported 8 infections due to A(H3N2) SOIV between January 2005 and 15 February 2011.

A(H3N2) SOIV infections: 16 February to 19 September 2011

In the United States, there have been 4 human infections with A(H3N2) SOIV in the states of Indiana (1) and Pennsylvania (3) during this period. The HA and neuraminidase genes of these 4 viruses were similar to those of swine viruses that circulate in the United States. Sequencing data indicated that the matrix genes of these viruses were acquired from an A(H1N1)pdm09 virus, unlike SOIV isolates from previous human cases. Antigenic analysis indicated that these viruses were distinct from currently circulating human A(H3N2) viruses but similar to swine A(H3N2) viruses from previous

tion. Le virus en cause est comparable sur le plan génétique et antigénique aux virus A (H9N2) ayant circulé chez les volailles au Bangladesh au cours des années précédentes (*Figure 5*), mais se distingue des virus à partir desquels les virus vaccins candidats ont été mis au point (*Tableau 6*). De ce fait, il est proposé de mettre au point un virus vaccin candidat de type A/Bangladesh/0994/2011 (*Tableau 6*).

Au fur et à mesure de l'évolution des virus, de nouveaux virus vaccins candidats contre la grippe A (H9N2) vont être mis au point et annoncés dès qu'ils sont disponibles. Les institutions, les firmes et autres entités souhaitant recevoir ces virus vaccins candidats doivent contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-whohq@who.int, ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

Grippe A (H3N2) d'origine porcine

Les virus de la grippe porcine A (H3N2) sont enzootiques dans les élevages d'Amérique du Nord et d'autres parties du monde. La caractérisation des virus porcins A (H3N2) récents d'Amérique du Nord indique que leurs gènes HA ont évolué à partir des précurseurs du virus humain qui ont circulé au milieu des années 1990. L'isolement de virus grippaux d'origine porcine A (H3N2) chez l'homme a été peu souvent notifié. Les États-Unis ont signalé 8 infections dues à ces derniers entre le mois de janvier 2005 et le 15 février 2011.

Infections par les virus grippaux d'origine porcine A (H3N2): 16 février-19 septembre 2011

Aux États-Unis, il y a eu 4 cas d'infection chez l'homme par ces virus dans les États de l'Indiana (1) et de la Pennsylvanie (3) au cours de cette période. Les gènes HA et de la neuraminidase de ces 4 virus sont comparables à ceux des virus porcins qui circulent aux États-Unis. Les données du séquençage ont indiqué que les gènes matriciels de ces virus ont été acquis à partir d'un virus A (H1N1)pdm09, contrairement aux isollements de virus grippaux d'origine porcine réalisés précédemment chez l'homme. L'analyse antigénique a indiqué que ces virus se distinguaient des virus A (H3N2) circulant actuellement chez l'homme mais étaient comparables aux virus A (H3N2) porcins

Table 6 Status of development of influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses, September 2011

Tableau 6 État d'avancement de la mise au point des virus vaccins candidats contre la grippe A (H9N2), septembre 2011

Virus	Type	Clade	Institution ^a	Availability – Disponibilité
Available candidate vaccine viruses				
A/Hong Kong/1073/1999	Wild type – Type sauvage	G1	NIBSC	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/G9/1997	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	NIBSC	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/G9/1997	Conventional reassortant – Réassorti classique	Y280/G9	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation				
A/Hong Kong/33982/2009 (IBCDC-RG26)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Pending – En attente
Viruses proposed by WHO for candidate vaccine virus preparation				
A/Bangladesh/0994/2011-like	Reverse genetics and conventional – Génétique inverse et classique	G1	CDC/NIBSC	

^a CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency, England. – CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Health Protection Agency, Angleterre.

years as well as to A/Minnesota/11/2010 (H3N2) SOIV (Table 7), from which a candidate vaccine virus is under development.

As the viruses continue to evolve, new SOIV candidate vaccine viruses will be developed and announced as they become available. Institutions, companies and others who wish to receive these candidate vaccine viruses should contact WHO at gisrs-whohq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.² ■

des années précédentes, ainsi qu'aux virus grippaux d'origine porcine A/Minnesota/11/2010 (Tableau 7), à partir desquels un virus vaccin candidat est actuellement mis au point.

Au fur et à mesure de l'évolution des virus, de nouveaux virus vaccins candidats d'origine porcine vont être mis au point et annoncés dès qu'ils seront disponibles. Les institutions, les firmes et autres entités souhaitant recevoir ces virus vaccins candidats doivent contacter l'OMS à l'adresse suivante: gisrs-whohq@who.int, ou les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.² ■

Table 7 **Antigenic properties of a recent swine-origin influenza A(H3N2) virus**

Tableau 7 **Propriétés antigéniques d'un virus grippal A (H3N2) d'origine porcine récent**

Antigens – Antigènes	Reference ferret antisera – Immunsérums de furet de référence							
	CA/09	SD/03	Perth/09	Sw/IL/09	KS/09	PA/10	WI/10	MN/10
Reference antigens – Antigènes de référence								
A/California/07/2009 <i>H1N1pdm09</i>	2560	2560	<10	20	<10	40	<10	<10
A/South Dakota/03/2008 <i>Human H1N1-SOIV</i>	2560	5120	10	160	160	160	<10	<10
A/Perth/16/2009 <i>Seasonal H3N2</i>	<10	<10	640	<10	<10	<10	<10	<10
A/swine/Illinois/02907/2009 <i>Swine H3N2</i>	<10	<10	<10	2560	2560	320	160	80
A/Kansas/13/2009 <i>Human H3N2-SOIV</i>	<10	<10	<10	1280	2560	320	160	80
A/Pennsylvania/14/2010 <i>Human H3N2-SOIV</i>	<10	<10	10	160	320	1280	320	640
A/Wisconsin/12/2010 <i>Human H3N2-SOIV</i>	<10	<10	<10	160	80	640	1280	640
A/Minnesota/11/2010 <i>Human H3N2-SOIV</i>	<10	<10	<10	40	40	320	320	1280
Test antigens – Antigènes d'épreuve								
A/Indiana/08/2011	20	<10	10	40	80	1280	1280	1280

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

Standardization of terminology of the pandemic A(H1N1) 2009 virus

The pandemic A(H1N1)2009 virus has become a seasonal influenza virus, continuing to circulate with other seasonal viruses since August 2010 when WHO declared the end of the influenza A(H1N1) 2009 pandemic. However, the nomenclature of this virus has never been standardized resulting in the use of diverse names for the same virus. In order to minimize confusion and to differentiate the virus from the former seasonal A(H1N1) viruses circulating in humans before the influenza A(H1N1) 2009 pandemic, the advisers to the WHO technical consultation on the composition of influenza vaccines for the southern hemisphere 2012 season, after discussion on 26 September 2011, advise WHO to use the nomenclature below:

A(H1N1)pdm09

This standardization will help to minimize confusion among scientific community and the general public. ■

Normalisation de la terminologie pour le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009

Le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 est devenu un virus grippal saisonnier, qui continue de circuler avec les autres virus grippaux saisonniers depuis août 2010, lorsque l'OMS a annoncé la fin de la grippe pandémique A (H1N1) 2009. Toutefois, la terminologie relative à ce virus n'ayant jamais été normalisée auparavant, différentes appellations ont jusqu'à présent été utilisées. De ce fait, pour réduire au minimum la confusion et pour différencier ce virus des anciens virus de la grippe saisonnière A (H1N1) circulant chez l'homme avant la pandémie de grippe A (H1N1) 2009, les conseillers auprès de la Consultation technique OMS sur la composition des vaccins antigrippaux pour la saison 2012 dans l'hémisphère Sud, après en avoir débattu le 26 septembre 2011, recommandent désormais à l'OMS d'adopter la terminologie suivante:

A (H1N1)pdm09

Cette normalisation permettra de réduire au minimum la confusion parmi le monde scientifique et le grand public. ■