



Contents

- 493 WHO external quality assessment project for detecting influenza virus subtype A by polymerase chain reaction – summary analysis, 2009
- 500 Performance of acute flaccid paralysis (AFP) surveillance and incidence of poliomyelitis, 2009

Sommaire

- 493 Projet OMS d'évaluation externe de la qualité du dépistage des sous-types viraux de la grippe A par amplification génique – analyse récapitulative, 2009
- 500 Fonctionnement de la surveillance de la paralysie flasque aiguë (PFA) et incidence de la poliomyélite, 2009

WHO external quality assessment project for detecting influenza virus subtype A by polymerase chain reaction – summary analysis, 2009

Introduction

National Influenza Centres (NICs) have been the backbone of WHO's Global Influenza Surveillance Network for more than 50 years. The centres collect specimens, conduct preliminary analyses and send representative virus isolates in a timely manner to WHO collaborating centres to support annual recommendations for composition of influenza vaccine for the next season. The NICs also have a key role in detecting viruses with pandemic potential, thus facilitating responses to outbreaks and preparedness for pandemics.

During the past decade, polymerase chain reaction (PCR) has become the principal laboratory test for detecting emerging viruses, such as avian influenza A (H5N1) in 2004 and the pandemic influenza A (H1N1) 2009 virus.

To monitor the quality and comparability of laboratories' performance for diagnosing both seasonal influenza and avian influenza A (H5N1), a WHO external quality assessment project was launched in 2007. The performance of laboratories that participated in the first 4 influenza test panels dispatched during a 2-year period (2007–2008) have already been summarized and published.¹

In 2009, the project continued under the coordination of WHO's Global Influenza Programme, with implementation by the H5 Reference Laboratory and National Influenza Centre at the Centre for Health Protection, China, Hong Kong Special Administrative Region (SAR), and with

Projet OMS d'évaluation externe de la qualité du dépistage des sous-types viraux de la grippe A par amplification génique – analyse récapitulative, 2009

Introduction

Depuis plus de 50 ans, les centres nationaux de lutte contre la grippe sont l'élément central du Réseau mondial OMS de surveillance de la grippe. Ils recueillent les échantillons, effectuent les analyses préliminaires et envoient les isollements de virus représentatifs en temps voulu aux centres collaborateurs de l'OMS afin d'aider à l'établissement de la composition du vaccin antigrippal recommandée chaque année pour la saison suivante. Ces centres jouent également un rôle déterminant dans la détection des virus potentiellement pandémiques, facilitant ainsi la riposte aux flambées et la préparation aux pandémies.

Au cours de la dernière décennie, l'amplification génique (PCR) est devenue la principale épreuve de dépistage des virus émergents, tels le virus de la grippe aviaire A (H5N1) en 2004 et le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 en 2009.

Un projet OMS d'évaluation externe de la qualité a été lancé en 2007 afin de contrôler la qualité et la comparabilité des résultats des laboratoires pour ce qui est du diagnostic de la grippe saisonnière et de la grippe aviaire A (H5N1). Les résultats des laboratoires ayant participé aux 4 premières séries d'analyses envoyées sur une période de deux ans (2007–2008) ont déjà été récapitulés et publiés.¹

En 2009, le projet s'est poursuivi, toujours coordonné par le Programme mondial OMS de lutte contre la grippe et mis en œuvre par le laboratoire OMS de référence H5 et le Centre national de lutte contre la grippe du Centre de protection de la santé de Hong Kong (Région administrative spéciale de Chine), avec l'aide

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

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

11.2009
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

¹ See No. 45, 2008, pp. 401–412.

¹ Voir N° 45, 2008, pp. 401–412.

support from collaborating centres on influenza, other H5 reference laboratories and regional offices.

Since the pandemic (H1N1) 2009 virus emerged in Mexico in late March 2009, the scope of the quality assessment project was expanded so that the pandemic virus was included in panel 6 in addition to the influenza viruses dispatched between 2007 and early 2009 in the first 5 panels; the other influenza viruses included were A (H1N1), A (H3N2) and A (H5N1). To distinguish from seasonal influenza A (H1N1) viruses, the pandemic virus is referred to as pandemic (H1N1) 2009 virus.

This report summarizes the results for panels 5 and 6 of the quality assessment project; these were dispatched during 2009, between January–February and June–August, respectively.

Preparation of panels

Panels sent to participating laboratories consisted of vacuum-dried RNA specimens extracted from influenza A (H1N1), A (H3N2), A (H5N1) and pandemic (H1N1) 2009 viruses. Preparation was performed as previously described.¹

Composition of panels

As with panels 1–4, panels 5 and 6 consisted of coded samples containing different concentrations of RNA from 5 viruses representing different genetic clusters of clade 1 and clade 2 H5N1, H1N1 and H3N2 viruses. Samples that contained pandemic (H1N1) 2009 virus were first included in panel 6. Details of the composition of each panel are shown in *Table 1*. Participants were instructed to reconstitute each sample with the reconstitution buffer, which was provided, prior to testing. Additionally, a questionnaire was included to obtain information on detection methods used, target genes tested and primer and probe sequences used.

Distribution of panels and response of participants

NICs and other registered national influenza laboratories were invited to participate before the panels were dispatched. Panel 5 was dispatched between January 2009 and February 2009; panel 6 was dispatched between June 2009 and August 2009. All panels were dispatched from the H5 Reference Laboratory and National Influenza Centre at the Centre for Health Protection in Hong Kong SAR at ambient temperature by courier service to participating laboratories in all 6 WHO regions.

Participating laboratories were requested to notify the centre immediately after receiving the panel, either by fax or e-mail, and to return their results within 1 month. A preliminary report, which included the correct results, was sent to participants shortly after the closing date for each panel.

Results for panel 5 were reported by 114 laboratories from 90 countries, areas or territories; results for panel 6

des centres collaborateurs OMS pour la grippe, des autres laboratoires de référence H5 et des bureaux régionaux.

Depuis l'émergence du virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 au Mexique à la fin mars 2009, la portée du projet d'évaluation de la qualité a été étendue de façon à inclure ce virus dans la 6^e série d'échantillons, en plus des virus grippaux envoyés entre 2007 et le début 2009 dans les 5 premières séries; les autres virus grippaux faisant l'objet de cette évaluation étaient les suivants: A (H1N1), A (H3N2) et A (H5N1). Pour le distinguer des virus de la grippe saisonnière A (H1N1), le virus de la grippe pandémique est désigné sous le nom de virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009.

Le présent rapport résume les résultats des séries 5 et 6 du projet d'évaluation de la qualité; celles-ci ont été envoyées en 2009 entre janvier et février et juin et août, respectivement.

Préparation des séries d'échantillons

Les séries d'échantillons envoyées aux laboratoires participants étaient constituées de spécimens d'ARN des virus grippaux A (H1N1), A (H3N2), A (H5N1) et de la grippe pandémique A (H1N1) 2009, extraits par passage dans un dessiccateur à vide. La préparation a été effectuée comme décrit précédemment.¹

Composition des séries d'échantillons

Comme pour les séries 1 à 4, les séries 5 et 6 étaient constituées d'échantillons codés contenant différentes concentrations d'ARN provenant de 5 virus représentant différents clades génétiques (1 et 2) des virus H5N1, H1N1 et H3N2. Des échantillons contenant le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 ont été inclus pour la première fois dans la série 6. On trouvera au *Tableau 1* le détail de la composition de chaque série. Les laboratoires participants ont reçu pour instruction de reconstituer chaque échantillon avec le tampon fourni avant de le tester. De plus, un questionnaire a été joint afin d'obtenir des renseignements sur les méthodes de dépistage utilisées, les gènes cibles recherchés et les séquences des amorces et des sondes utilisées.

Distribution des séries d'échantillons et réponses des laboratoires participants

Les NIC et les autres laboratoires nationaux de la grippe agréés ont été invités à participer avant que les séries d'échantillons n'aient été expédiées. La 5^e série a été envoyée entre janvier et février 2009; la 6^e entre juin et août 2009. Toutes ces séries ont été envoyées à température ambiante aux laboratoires participants situés dans les 6 Régions de l'OMS par le laboratoire de référence H5 et le Centre national de lutte contre la grippe du Centre de protection de la santé de Hong Kong RAS, en faisant appel à une société d'acheminement rapide.

Il a été demandé aux laboratoires participants d'avertir par télécopie ou par courrier électronique le Centre dès réception des échantillons et de renvoyer leurs résultats dans le mois qui suivait. Un rapport préliminaire, renfermant les bons résultats, a été envoyé aux participants peu après la date de clôture fixée pour chaque série d'échantillons.

Pour la 5^e série, des résultats ont été notifiés par 114 laboratoires de 90 pays, zones ou territoires; pour la 6^e, ils l'ont été par

Table 1 **Results of external quality assessment of laboratory detection of influenza A virus subtypes by National Influenza Centres and other national laboratories, panel 5 and panel 6, 2009**

Tableau 1 **Résultats de l'évaluation externe de la qualité du dépistage au laboratoire des sous-types viraux de la grippe A par les centres nationaux de lutte contre la grippe et autres laboratoires nationaux, séries 5 et 6, 2009**

Influenza A subtype – Sous-type de la grippe A	Clade ^a	Panel 5 (n=114) – Série 5 (n = 114)			Panel 6 (n=128) – Série 6 (n = 128)		
		Sample number – Numéro d'échantillon	Copies/μL ^b – Nombre d'exemplaires/μL ^b	No. (%) of laboratories correctly identifying sample – Nombre (%) de laboratoires ayant correctement identifié l'échantillon	Sample number – Numéro d'échantillon	Copies/μL ^b – Nombre d'exemplaires/μL ^b	No. (%) of laboratories correctly identifying sample – Nombre (%) de laboratoires ayant correctement identifié l'échantillon
H5N1	1	2009–04	8.117 x 10 ²	107 (94)	–	–	–
H5N1	1	2009–09	6.300 x 10 ²	106 (93)	–	–	–
H5N1	2.1	–	–	–	2009–19	4.727 x 10 ²	119 (93)
H5N1	2.1	–	–	–	2009–17	3.338 x 10 ²	114 (89)
H5N1	2.2	–	–	–	2009–20	1.867 x 10 ⁴	122 (95)
H5N1	2.2	–	–	–	2009–14	1.690 x 10 ³	119 (93)
H5N1	2.3.2	2009–07	3.723 x 10 ⁴	111 (97)	–	–	–
H5N1	2.3.2	2009–02	1.447 x 10 ³	106 (93)	–	–	–
H5N1	2.3.4	2009–08	8.010 x 10 ³	110 (96)	2009–15	1.970 x 10 ³	125 (98)
H5N1	2.3.4	2009–06	8.110 x 10 ²	102 (89)	2009–11	1.176 x 10 ³	117 (91)
H1N1	A/Brisbane/59/2007-like	2009–10	1.770 x 10 ³	105 (92)	2009–13	7.933 x 10 ³	127 (99)
H1N1	A/Solomon Islands/03/2006-like	2009–01	4.687 x 10 ³	108 (95)	–	–	–
pandemic (H1N1) 2009 – pandémique (H1N1) 2009	A/California/4/2009-like	–	–	–	2009–12	2.037 x 10 ²	126 (98)
pandemic (H1N1) 2009 – pandémique (H1N1) 2009	A/California/4/2009-like	–	–	–	2009–16	4.560 x 10 ¹	128 (100)
H3N2	A/Brisbane/10/2007-like	2009–05	2.173 x 10 ⁴	107 (94)	2009–18	2.440 x 10 ³	120 (94)
Negative – Négatif	NA – SO	2008–04	NA – SO	113 (99)	–	–	–

NA, not applicable; –, not included in the panel. – SO, sans objet; –, ne figurant pas dans la série.

^a The nomenclature of influenza A (H5N1) viruses was based on HA genes. For additional information see http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/guidelines/nomenclature/en/index.html. – La nomenclature des virus grippaux A (H5N1) a été basée sur les gènes HA. Pour de plus amples informations, voir: http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/guidelines/nomenclature/en/index.html.

^b Measured by real-time polymerase chain reaction after 5 days of storage of viral RNA at 25 °C. – Mesurés par amplification génique en temps réel après 5 jours de conservation de l'ARN viral à 25°C.

were reported by 129 laboratories from 102 countries, areas or territories. The results found by one laboratory participating in panel 6 were excluded from analysis owing to prolonged shipment time. Details of participating laboratories are shown in *Table 2*. Most participants received their panels within 1 week (panel 5, 93/114 [82%]; panel 6, 110/128 [86%]). For both panel 5 and panel 6, 96/242 (40%) participating laboratories reporting results included in the analysis were in WHO's European Region; 45/242 (19%) were in the Region of

129 laboratoires de 102 pays, zones ou territoires. En raison de délais d'expédition prolongés, les résultats d'un laboratoire participant à l'analyse de la série 6 ont été exclus de l'analyse finale. Le *Tableau 2* en montre le détail. La plupart des laboratoires ont reçu les séries d'échantillons dans la semaine suivant leur envoi (série 5, 93/114 [82%]; série 6, 110/128 [86%]). Pour ces deux séries, 96 laboratoires participants sur 242 (40%) rapportant des résultats inclus dans l'analyse étaient situés dans la Région européenne de l'OMS; 45 laboratoires (19%) étaient situés dans la Région des Amériques; 36 (15%) dans la Région

Table 2 **Laboratories' responses to invitation to participate in external quality assessment of detection of influenza A virus subtypes for panel 5 and panel 6 by WHO region, 2009**

Tableau 2 **Réponses des laboratoires à l'invitation à participer à l'évaluation externe de la qualité du dépistage des sous-types des virus grippaux A pour les séries 5 et 6 par Région de l'OMS, 2009**

WHO region – Région OMS	No. of laboratories – Nombre de laboratoires					
	Invited – Invités		Received samples – Ayant reçu des échantillons		Reported results – Ayant reporté des résultats	
	Panel 5 – Série 5	Panel 6 – Série 6	Panel 5 – Série 5	Panel 6 – Série 6	Panel 5 – Série 5	Panel 6 – Série 6
African – Africaine	19	21	17	20	17	19
Americas – Amériques	27	27	24	23	23	22
Eastern Mediterranean – Méditerranée orientale	10	12	8	10	7	9
European – Européenne	57	59	48	54	45	52
South-East Asia – Asie du Sud-Est	8	8	6	6	6	6
Western Pacific – Pacifique occidental	21	22	18	22	16	21
Total	142	149	121	135	114	129

the Americas; 36/242 (15%) were in the African Region; 37/242 (15%) in the Western Pacific Region; 16 (7%) were in the Eastern Mediterranean Region; and 12 (5%) were in the South-East Asia Region.

Results

The assessment criteria were the same as for panels 1–4,¹ except the following criteria were used to assess results for samples of pandemic (H1N1) 2009 virus:

- failure to detect pandemic (H1N1) 2009 virus samples or reporting the results as non pandemic (H1N1) 2009 virus subtype, or both, was recorded as an incorrect response;
- failure to report non-H1 and non-H3 test results for pandemic (H1N1) 2009 virus samples if pandemic (H1N1) 2009 virus subtyping was not performed was recorded as an incorrect response; and
- reporting “pandemic (H1N1) 2009 virus and H5” for H5 samples was recorded as a correct response, if the United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC) real-time reverse transcriptase PCR (RT-PCR) swine H1 protocol² was used (see Discussion section for additional details).

Laboratories' performance

Panel 5

A total of 87 participants returned correct results for all 10 samples in Panel 5 (Table 3). An additional 12 participants returned correct results for 9 samples, and

africaine; 37 (15%) dans la Région du Pacifique occidental; 16 (7%) dans la Région de la Méditerranée orientale; et 12 (5%) dans la Région de l'Asie du Sud-Est.

Résultats

Les règles d'évaluation ont été les mêmes que pour les séries 1 à 4,¹ à l'exception des règles suivantes qui ont été utilisées pour évaluer les résultats des échantillons de virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009:

- le non-dépistage du virus dans les échantillons de la grippe pandémique A (H1N1) 2009, ou la notification des résultats comme ne correspondant pas à ce sous-type, ou les deux, ont été considérés comme une réponse fautive;
- l'impossibilité de faire état de résultats non H1 et non H3 pour les échantillons de virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 si le sous-typage de ce virus n'a pas été effectué a été considérée comme une réponse fautive; et
- la notification «virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 et H5» pour des échantillons de virus H5 a été considérée comme une bonne réponse si l'on a utilisé le protocole² de RT-PCR en temps réel pour la grippe porcine H1 des *Centers for Disease Control and Prevention* des États Unis (voir la section Discussion pour plus de détails).

Résultats des laboratoires

Série 5

Quatre-vingt-sept laboratoires participants au total ont renvoyé de bons résultats pour les 10 échantillons de la série 5 (Tableau 3). Douze autres laboratoires ont renvoyé de bons

² Garten RJ et al. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A (H1N1) influenza viruses circulating in humans. *Science*, 2009, 325:197–201.

² Garten RJ et al. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A (H1N1) influenza viruses circulating in humans. *Science*, 2009, 325:197–201.

Table 3 **Performance of laboratories participating in external quality assessment of detection of influenza A virus subtypes, 2009**
 Tableau 3 **Résultats des laboratoires participant à l'évaluation externe de la qualité du dépistage des sous types de virus grippaux A, 2009**

Performance – Résultats	No. (%) of laboratories – Nombre (%) de laboratoires	
	Panel 5 (n=114) – Série 5 (n = 114)	Panel 6 (n=128) – Série 6 (n = 128)
10 samples correct – 10 échantillons bons	87 (76)	101 (79)
9 samples correct – 9 échantillons bons	12 (11)	12 (9)
5–8 samples correct – 5-8 échantillons bons	14 (12)	13 (10)
<5 samples correct – <5 échantillons bons	1 (1)	2 (2)

14 participants had correct results for 5–8 samples. One participating laboratory returned correct results for <5 samples.

Only 1 participating laboratory reported a positive result for the 1 negative sample (sample 2009-03); thus, the false-positive rate was 1% (Table 1).

For the 2 samples with higher concentrations of H5, 111 (97%) laboratories correctly reported sample 2009-07; 110 (96%) correctly reported sample 2009-08. For the 2 samples with lower concentrations of H5, 106 (93%) laboratories correctly reported sample 2009-02; 102 (89%) correctly reported sample 2009-06. For the 2 samples with similar concentrations of H5, 107 (94%) laboratories correctly reported sample 2009-04; 106 (93%) correctly reported sample 2009-09.

For the 2 samples with similar concentrations of H1, sample 2009-10 was correctly reported by 105 (92%) and sample 2009-01 was correctly reported by 108 (95%).

The 1 H3 sample (2009-05) was correctly reported by 107 (94%) participating laboratories.

Panel 6

A total of 101 participants returned correct results for all 10 samples (Table 3). An additional 12 participants returned correct results for 9 samples, and 13 participants had correct results for 5–8 samples. Two participants returned correct results for <5 samples.

There were 4 samples of H5: 125 (98%) laboratories correctly reported sample 2009-15; 117 (91%) correctly reported 2009-11; 119 (93%) correctly reported 2009-19; and 114 (89%) correctly reported 2009-17. Overall performance on the 256 tests of samples with higher concentrations of H5 (2009-15, 2009-11) was 242/256 reported correctly (95%); for samples with lower concentrations of H5 (2009-19, 2009-17), 233/256 (91%) were reported correctly. The H5 sample for the clade 2.2 strain with a higher concentration (2009-20) was correctly reported by 122 (95%); the clade 2.2 strain with a lower concentration (2009-14) was correctly reported by 119 (93%).

The 1 sample of H1 (2009-13) was correctly reported by 127 (99%) laboratories; the 1 sample of H3 (2009-18) was correctly reported by 120 (94%).

résultats pour 9 échantillons et 14 pour 5 à 8 échantillons. Un laboratoire participant a renvoyé de bons résultats pour <5 échantillons.

Seul 1 laboratoire participant a fait état d'un résultat positif pour l'échantillon négatif (échantillon 2009-03); ainsi, le taux de faux-positifs a été de 1% (Tableau 1).

Pour les 2 échantillons ayant des concentrations plus élevées d'ARN H5, 111 (97%) laboratoires ont donné de bons résultats pour l'échantillon 2009-07; 110 (96%) pour l'échantillon 2009-08. Pour les 2 échantillons renfermant des concentrations plus faibles d'ARN H5, 106 laboratoires (93%) ont correctement analysé l'échantillon 2009-02; 102 (89%) l'échantillon 2009-06. Pour les 2 échantillons renfermant des concentrations analogues d'ARN H5, 107 laboratoires (94%) ont correctement analysé l'échantillon 2009-04; 106 (93%) l'échantillon 2009-09.

Pour les 2 échantillons renfermant des concentrations analogues d'ARN H1, le 2009-10 a été correctement analysé par 105 laboratoires (92%) et le 2009-01 par 108 (95%).

L'unique échantillon H3 (2009-05) a été correctement analysé par 107 laboratoires participants (94%).

Série 6

Au total, 101 laboratoires participants ont renvoyé de bons résultats pour les 10 échantillons (Tableau 3). Douze autres ont renvoyé de bons résultats pour 9 échantillons et 13 pour 5 à 8 échantillons. Deux laboratoires ont renvoyé de bons résultats pour <5 échantillons.

Il y avait 4 échantillons H5: 125 laboratoires (98%) ont analysé correctement l'échantillon 2009-15; 117 (91%) le 2009-11; 119 (93%) le 2009-19; et 114 (89%) le 2009-17. Dans l'ensemble, les résultats des 256 tests appliqués aux échantillons renfermant des concentrations plus élevées de H5 (2009-15, 2009-11) ont été que 242 laboratoires sur 256 les ont analysés correctement (95%); pour les échantillons renfermant des concentrations plus faibles de H5 (2009-19, 2009-17), 233 laboratoires sur 256 (91%) les ont analysés correctement. L'échantillon H5 provenant d'une souche du clade 2.2 ayant une concentration plus élevée d'ARN (2009-20) a été correctement analysé par 122 laboratoires (95%); l'échantillon provenant de la souche du clade 2.2 ayant une concentration plus faible d'ARN (2009-14) a été correctement analysé par 119 laboratoires (93%).

Le seul échantillon H1 (2009-13) a été correctement analysé par 127 laboratoires (99%); le seul échantillon H3 (2009-18) a été correctement analysé par 120 laboratoires (94%).

There were 2 samples of pandemic (H1N1) 2009 virus: 2009-12 was reported correctly by 126 (98%) and 2009-16 was correctly reported by 128 (100%). The overall performance on the pandemic (H1N1) 2009 samples was 254/256 correct (99%).

The false-positive rate could not be obtained since no negative sample was included.

Methods of detection

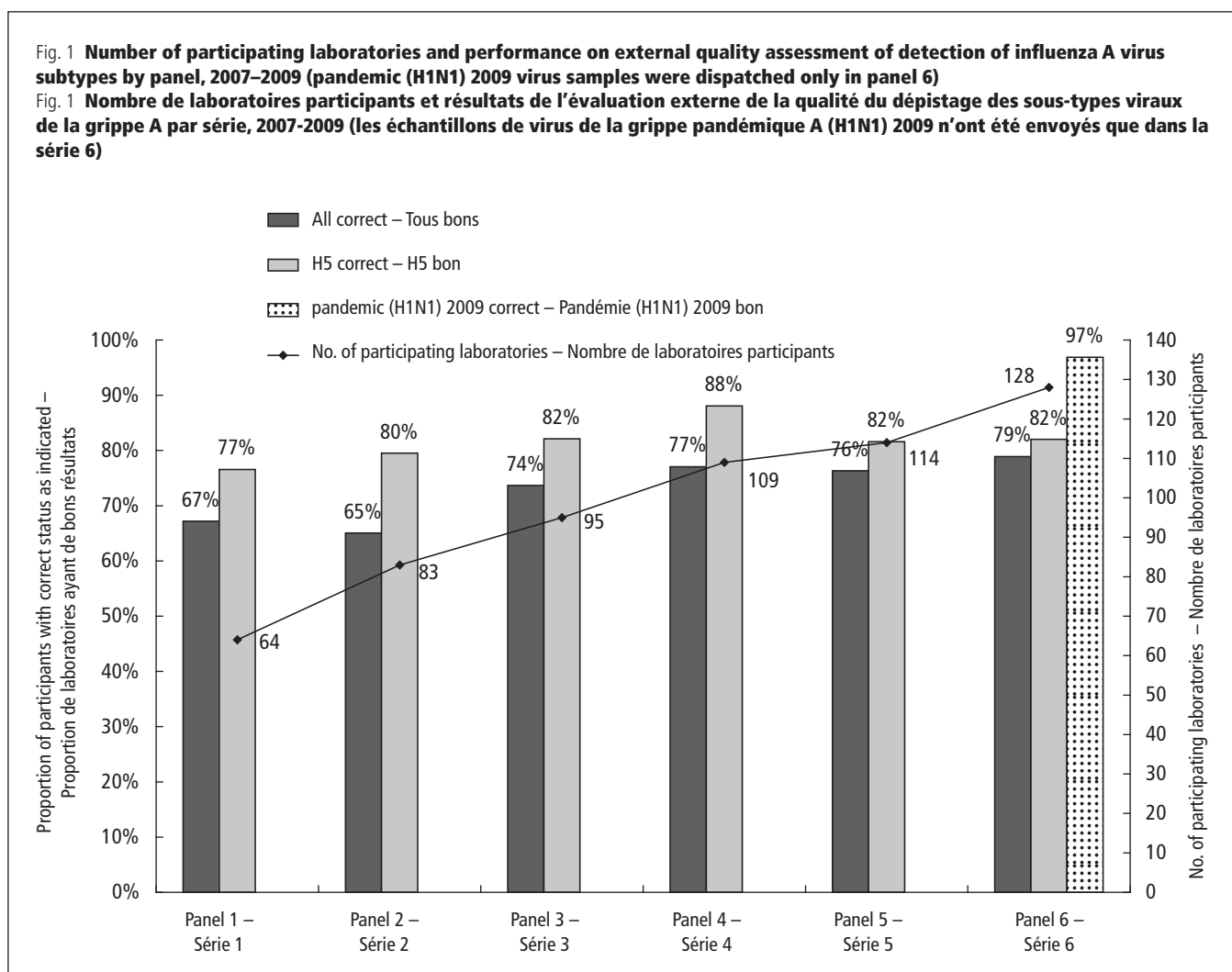
There were considerable variations in the PCR protocols used by laboratories to subtype H1, H3 and H5 viruses; this was seen previously.¹ There was not much difference in test results despite the use of different PCR protocols. To detect swine influenza A viruses, 23 (18%) laboratories reported using primers targeting the nucleoprotein gene. For specific detection of pandemic (H1N1) 2009 virus, at least 22 different references were cited; 91/128 (71%) participants used the CDC protocol. The details on target genes, detection methods and sources of the primers and probes were included in the summary that was distributed to all participants with the results of the analysis.

Il y avait 2 échantillons de virus pandémique A (H1N1) 2009: le 2009-12 a été correctement analysé par 126 laboratoires (98%) et le 2009-16 a été correctement analysé par 128 laboratoires (100%). Les résultats d'ensemble pour les échantillons de virus pandémique A (H1N1) 2009 ont été qu'ils ont été analysés correctement par 254 laboratoires sur 256 (99%).

Le taux de faux-positifs n'a pas pu être obtenu puisqu'aucun échantillon négatif ne figurait dans l'analyse.

Méthodes de dépistage

On a observé des variations considérables dans les protocoles de PCR utilisés par les laboratoires pour sous typer les virus H1, H3 et H5, ce qui a été déjà vu. Il n'y a pas eu beaucoup de différence dans les résultats obtenus malgré ce recours à des protocoles de PCR différents. Pour dépister les virus de la grippe porcine A, 23 laboratoires (18%) ont indiqué avoir utilisé des amorces ciblant le gène de la nucléoprotéine. Pour dépister spécifiquement le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009, 22 références différentes au moins ont été citées; 91 laboratoires participants sur 128 (71%) ont appliqué le protocole des CDC. Le détail des gènes cibles, des méthodes de détection et des sources d'amorces et de sondes figurait dans le résumé distribué à tous les laboratoires participants avec les résultats de l'analyse.



Comparison of laboratories' performance for all panels

During 2007–2009, the number of laboratories participating in external quality assessment and reporting results that could be included in analysis increased, from 64 to 128 (Fig. 1). The proportion of laboratories with entirely correct results also increased, from 67% to 79% (panel 1, 43/64 [67%]; panel 2, 54/83 [65%]; panel 3, 70/95 [74%]; panel 4, 84/109 [77%]; panel 5, 87/114 [76%]; panel 6, 101/128 [79%]). The proportion of laboratories that correctly subtyped H5 virus ranged from 77% to 81% (panel 1, 49/64 [77%]; panel 2, 66/83 [80%]; panel 3, 78/95 [82%]; panel 4, 96/109 [88%]; panel 5, 93/114 [82%]; panel 6, 105/128 [82%]). The proportion of laboratories that correctly assessed the first samples of pandemic (H1N1) 2009 virus in panel 6 was 124/128 (97%).

Factors affecting performance

For panels 5 and 6, analyses consistently showed that laboratories using real-time RT-PCR for ≥ 1 test to detect the H5 gene had significantly better overall performance ($P < 0.05$) than laboratories using only conventional PCR. However, the use of commercial kits did not have a significant ($P > 0.05$) effect on laboratories' overall performance.

Discussion

This external quality assessment programme allowed participants to tailor their testing methods to detect circulating influenza viruses, including H1N1, H3N2 and the highly pathogenic avian H5N1 viruses. Improvements in diagnostic performance for detecting seasonal H1N1 and H3N2 viruses were shown by the higher proportion of H1 and H3 samples correctly identified in panels 5 and 6 (92–99%) when compared with results from the previous 4 panels (85–89%). The diagnostic performance in detecting H5N1 viruses correlated well with the viral load in the panels' samples. For the 3 clades of H5 dispatched in panels 5 and 6 with 2 different concentrations of viral RNA, the samples with higher concentrations were correctly identified by 93–98% of laboratories, while samples with lower concentrations were correctly identified by 89–93%.

The pandemic (H1N1) 2009 virus was detected previously by using a combination of positive results for influenza A virus with negative results for influenza subtypes H1N1, H3N2 and H5N1. Accurate diagnosis is critical in guiding public health actions. On 28 April 2009, the first full genome sequences of pandemic (H1N1) 2009 virus strain California/04/2009 became available on the United States' National Institutes for Health's GenBank sequence database; additionally, a protocol using real-time RT-PCR to detect and characterize pandemic (H1N1) 2009 virus was provided by the United States CDC and made available on WHO's web site. This protocol provides 3 targets for detecting

Comparaison des résultats des laboratoires pour l'ensemble des séries

Au cours de la période 2007–2009, le nombre de laboratoires participant à l'évaluation externe de la qualité et faisant état de résultats qui ont pu être inclus dans l'analyse a augmenté, passant de 64 à 128 (Fig. 1). La proportion de laboratoires obtenant des résultats entièrement bons a également augmenté, passant de 67% à 79% (série 1, 43/64 [67%]; série 2, 54/83 [65%]; série 3, 70/95 [74%]; série 4, 84/109 [77%]; série 5, 87/114 [76%]; série 6, 101/128 [79%]). La proportion de laboratoires ayant correctement sous-typé le virus H5 est passée de 77% à 81% (série 1, 49/64 [77%]; série 2, 66/83 [80%]; série 3, 78/95 [82%]; série 4, 96/109 [88%]; série 5, 93/114 [82%]; série 6, 105/128 [82%]). La proportion de laboratoires ayant analysé correctement les premiers échantillons de virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 de la série 6 a été de 124/128 (97%).

Facteurs influant sur les résultats

Pour les séries 5 et 6, les analyses ont uniformément montré que les laboratoires utilisant la RT-PCR en temps réel pour ≥ 1 test de recherche du gène H5 avaient eu des résultats dans l'ensemble nettement meilleurs ($P < 0,05$) que ceux n'ayant utilisé que la PCR classique. Toutefois, le fait d'utiliser des kits vendus dans le commerce n'a pas eu d'effet notable ($P > 0,05$) sur les résultats généraux des laboratoires.

Discussion

Ce programme d'évaluation externe de la qualité a permis aux laboratoires participants d'adapter leurs méthodes d'épreuves pour pouvoir dépister les virus grippaux circulant, notamment les virus H1N1, H3N2 et le virus aviaire H5N1 hautement pathogène. Des améliorations au niveau des résultats diagnostiques concernant le dépistage des virus saisonniers H1N1 et H3N2 ont été mises en évidence par la proportion plus élevée d'échantillons H1 et H3 correctement analysés dans les séries 5 et 6 (92–99%), par comparaison avec les résultats des 4 séries précédentes (85–89%). Les résultats diagnostics du dépistage des virus H5N1 ont été bien corrélés avec la charge virale présente dans les échantillons de la série. Pour les 3 clades du virus H5 envoyés dans les séries 5 et 6 à 2 concentrations différentes d'ARN viral, les échantillons renfermant une concentration plus élevée ont été correctement analysés par 93% à 98% des laboratoires, tandis que ceux renfermant des concentrations plus faibles ont été correctement analysés par 89% à 93% des laboratoires.

Auparavant, le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 était dépisté en associant des résultats positifs pour le virus grippal A et des résultats négatifs pour les sous-types H1N1, H3N2 et H5N1. L'exactitude du diagnostic est essentielle pour guider les mesures de santé publique. Le 28 avril 2009, les premières séquences génomiques complètes de la souche California/04/2009 du virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 ont été disponibles sur la base de données GenBank des National Institutes for Health des Etats-Unis; de plus, un protocole faisant appel à la RT-PCR en temps réel pour dépister et caractériser le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 a été fourni par les CDC des Etats Unis et mis à disposition sur le site Web de l'OMS. Ce protocole fournit 3 cibles

and characterizing swine influenza: (i) the matrix M gene for universal detection of type-A influenza viruses; (ii) the nucleoprotein A/NP pandemic gene for specific detection of swine-origin influenza A viruses, including pandemic (H1N1) 2009 virus; and (iii) the haemagglutinin A/H1 pandemic gene for specific detection of pandemic (H1N1) 2009 virus. Results from panel 6 revealed that the A/NP pandemic gene may detect both pandemic (H1N1) 2009 virus and H5 samples. Because cross-reactivity had not been anticipated, any participants reporting H5 samples as "pandemic (H1N1) 2009 virus and H5" were categorized as providing the correct response.

Although pandemic (H1N1) 2009 virus was first included in panel 6, 124/128 (97%) laboratories correctly detected the pandemic virus in samples. The possible explanations for this might be that there is (i) high sequence identity within each gene segment of the pandemic (H1N1) 2009 virus,² (ii) most RT-PCR assays were developed and evaluated using the first publicly released sequences, and (iii) most laboratories used the CDC's protocols.

The results of panels 5 and 6 provided a follow-up assessment of laboratories' proficiency in diagnosing influenza A and showed that an increased proportion of laboratories is capable of correctly reporting all samples.

NICs and national influenza laboratories in countries without NICs are encouraged to participate in the external quality assessment project to benefit from continual monitoring of laboratory performance. It is expected that this project will help achieve and maintain high-quality influenza diagnostic capacity globally.

Editorial note. The full report for each panel contains more information than is presented in this summary. All data from the project will be used by the Global Influenza Surveillance Network to assess needs and plans for action.

WHO would like to thank all NICs and other influenza laboratories for participating in this project, for the time they spent completing the questionnaires, and for their willingness to share information for this analysis.

For more information, please contact WHO's Global Influenza Programme (e-mail: GISN@who.int). ■

pour la détection et la caractérisation de la grippe porcine: i) le gène matriciel M pour la détection universelle des virus grippaux de type A; ii) le gène de la nucléoprotéine A/NP du virus de la grippe pandémique pour la détection spécifique des virus grippaux A d'origine porcine, notamment le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009; et iii) le gène de l'hémagglutinine A/H1 du virus de la grippe pandémique pour la détection spécifique du virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009. Les résultats de la série 6 ont révélé que le gène A/NP permettait de détecter aussi bien les virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 que les virus H5. Du fait que l'on n'avait pas anticipé cette réactivité croisée, tous les laboratoires participants ayant déclaré que les échantillons H5 renfermaient «des virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 et des virus H5» ont été rangés dans la catégorie des bonnes réponses.

Bien que le virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009 ait été inclus pour la première fois dans la série 6, 124 laboratoires sur 128 (97%) l'ont correctement dépisté dans les échantillons. Il y a à cela plusieurs explications possibles: i) une identité de séquence élevée au sein de chaque segment de gène du virus de la grippe pandémique A (H1N1) 2009,² ii) la plupart des épreuves de RT-PCR ont été mises au point et évaluées avec les premières séquences mises à disposition publiquement, et iii) la plupart des laboratoires ont utilisé les protocoles des CDC.

Les résultats des séries 5 et 6 ont permis de réaliser un suivi de la compétence des laboratoires pour le diagnostic de la grippe A et ont montré qu'une proportion accrue d'entre eux est capable d'analyser correctement tous les échantillons.

Les NIC et les laboratoires nationaux pour la grippe dans les pays qui n'ont pas de NIC sont encouragés à participer aux projets d'évaluation externe de la qualité afin de bénéficier du suivi permanent des résultats de laboratoire. On espère que ce projet permettra d'atteindre et de maintenir partout dans le monde une capacité diagnostique de qualité.

Note de la rédaction. Le rapport complet de chaque série renferme davantage d'informations que celles présentées dans ce résumé. Toutes les données du projet serviront à l'évaluation des besoins et à la détermination des mesures que le Réseau mondial de surveillance de la grippe sera amené à prendre.

L'OMS souhaiterait remercier tous les Centres nationaux de lutte contre la grippe et autres laboratoires de la grippe pour leur participation à ce projet, le temps passé à remplir les questionnaires et leur empressement à échanger les informations concernant cette analyse.

Pour de plus amples informations, veuillez contacter le Programme mondial OMS de lutte contre la grippe (courriel: GISN@who.int). ■

PERFORMANCE OF ACUTE FLACCID PARALYSIS (AFP) SURVEILLANCE AND INCIDENCE OF POLIOMYELITIS, 2009 (DATA RECEIVED IN WHO HEADQUARTERS AS OF 10 NOVEMBER 2009)

FONCTIONNEMENT DE LA SURVEILLANCE DE LA PARALYSIE FLASQUE AIGUË (PFA) ET INCIDENCE DE LA POLIOMYÉLITE, 2009 (DONNÉES REÇUES PAR LE SIÈGE DE L'OMS AU 10 NOVEMBRE 2009)

Country/area Pays/territoire	Performance of AFP surveillance, 2009 Fonctionnement de la surveillance de la PFA, 2009			Polio cases Cas de poliomyélite	
	AFP cases reported ¹ Cas de PFA signalés ¹	Annualized non-poliomyelitis AFP rate ² Taux de PFA non poliomyélitique annuel ²	AFP cases with adequate specimens ³ Cas de PFA avec échantillons conformes ³	2009 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2009 (virus sauvage) ⁴	2008 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2008 (virus sauvage) ⁴
Regional totals — Totaux régionaux					
AFR	12 458	3.86	90%	773 (624) ⁵	991 (912) ⁵
AMR	1 299	0.88	79%	0 (0)	0 (0)
EMR	8 859	4.29	91%	145 (145)	174 (174)
EUR	1 090	0.83	83%	0 (0)	0 (0)
SEAR	44 827	7.42	85%	568 (568)	565 (565)
WPR	4 443	1.28	86%	0 (0)	0 (0)
Global total — Total mondial	72 976	4.59	87%	1486 (1337)	1730 (1651)⁵
African Region — Région africaine (AFR)					
Algeria – Algérie	74	0.89	60%	0 (0)	0 (0)
Angola	294	3.45	93%	28 (28) ⁶	29 (29) ⁶
Benin – Bénin	134	3.55	90%	20 (20) ⁶	6 (6) ⁶
Botswana	1	0.20	100%	0 (0)	0 (0)
Burkina Faso	197	3.25	83%	13 (13) ⁶	6 (6) ⁶
Burundi	143	4.27	82%	2 (2) ⁶	0 (0)
Cameroon – Cameroun	142	1.81	87%	2 (2) ⁶	0 (0)
Cape Verde – Cap-Vert	4	2.36	100%	0 (0)	0 (0)
Central African Republic – République centrafricaine	146	8.60	90%	14 (14) ⁶	3 (3) ⁶
Chad – Tchad	293	5.93	85%	33 (33) ⁶	37 (37) ⁶
Comoros – Comores	9	3.55	100%	0 (0)	0 (0)
Congo	65	3.84	86%	0 (0)	0 (0)
Democratic Republic of the Congo – République démocratique du Congo	1 283	4.68	85%	5 (3) ^{5,6}	19 (5) ^{5,6}
Côte d'Ivoire	287	3.14	73%	27 (27) ⁶	1 (1) ⁶
Equatorial Guinea – Guinée équatoriale	0	0.00	0%	0 (0)	0 (0)
Eritrea – Érythrée	70	6.89	93%	0 (0)	0 (0)
Ethiopia – Éthiopie	804	2.59	86%	1 (0) ⁵	6 (3) ^{5,6}
Gabon	26	4.39	85%	0 (0)	0 (0)
Gambia – Gambie	22	3.25	95%	0 (0)	0 (0)
Ghana	248	2.68	83%	0 (0)	8 (8) ⁶
Guinea – Guinée	155	2.51	95%	33 (33) ⁶	0 (0)
Guinea-Bissau – Guinée Bissau	12	1.77	58%	0 (0)	0 (0)
Kenya	414	2.62	82%	18 (18) ⁶	0 (0)
Lesotho	13	1.54	100%	0 (0)	0 (0)
Liberia – Libéria	53	2.82	100%	10 (10) ⁶	0 (0)
Madagascar	177	2.30	96%	0 (0)	0 (0)
Malawi	146	2.65	80%	0 (0)	0 (0)
Mali	120	2.25	92%	5 (5) ⁶	1 (1) ⁶
Mauritania – Mauritanie	46	3.91	100%	2 (2) ⁶	0 (0)
Mauritius – Maurice	1	0.39	100%	0 (0)	0 (0)
Mozambique	204	2.49	82%	0 (0)	0 (0)
Namibia – Namibie	28	3.31	86%	0 (0)	0 (0)
Niger	282	4.53	79%	15 (15) ⁶	12 (12) ⁶
Nigeria – Nigéria	4 611	7.00	95%	529 (383) ^{5,7}	860 (798) ^{5,7}
Réunion	ND			0 (0)	0 (0)
Rwanda	139	4.11	99%	0 (0)	0 (0)
Saint Helena – Saint-Hélène	ND			0 (0)	0 (0)
Sao Tome and Principe – Sao Tomé-et-Principe	0	0.00	0%	0 (0)	0 (0)
Senegal – Sénégal	143	2.91	97%	0 (0)	0 (0)
Seychelles	0	0.00	0%	0 (0)	0 (0)
Sierra Leone	149	6.20	91%	2 (2) ⁶	0 (0)
South Africa – Afrique du Sud	226	1.76	81%	0 (0)	0 (0)
Swaziland	8	1.89	100%	0 (0)	0 (0)
Togo	85	3.33	90%	6 (6) ⁶	3 (3) ⁶
Uganda – Ouganda	546	3.98	87%	8 (8) ⁶	0 (0)
United Republic of Tanzania – République-Unie de Tanzanie	404	2.56	95%	0 (0)	0 (0)
Zambia – Zambie	174	3.26	91%	0 (0)	0 (0)
Zimbabwe	80	1.69	88%	0 (0)	0 (0)
Region of the Americas — Région des Amériques (AMR)					
Argentina – Argentine	100	1.11	87%	0 (0)	0 (0)

Country/area Pays/territoire	Performance of AFP surveillance, 2009 Fonctionnement de la surveillance de la PFA, 2009			Polio cases Cas de poliomyélite			
	AFP cases reported ¹ Cas de PFA signalés ¹	Annualized non-poliomyelitis AFP rate ² Taux de PFA non poliomyéлитique annuel ²	AFP cases with adequate specimens ³ Cas de PFA avec échantillons conformes ³	2009 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2009 (virus sauvage) ⁴		2008 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2008 (virus sauvage) ⁴	
Bolivia – Bolivie	27	0.85	67%	0	(0)	0	(0)
Brazil – Brésil	368	0.76	79%	0	(0)	0	(0)
Canada	ND			0	(0)	0	(0)
CAREC – Centre d'épidémiologie des Caraïbes*	16	0.90	31%	0	(0)	0	(0)
Chile – Chili	85	2.24	76%	0	(0)	0	(0)
Colombia – Colombie	136	1.10	80%	0	(0)	0	(0)
Costa Rica	3	0.28	0%	0	(0)	0	(0)
Cuba	18	0.93	83%	0	(0)	0	(0)
Dominican Republic – République dominicaine	15	0.55	73%	0	(0)	0	(0)
Ecuador – Equateur	21	0.56	95%	0	(0)	0	(0)
El Salvador	33	1.59	79%	0	(0)	0	(0)
Guatemala	26	0.65	85%	0	(0)	0	(0)
Haiti – Haïti	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Honduras	51	2.00	88%	0	(0)	0	(0)
Mexico – Mexique	254	0.90	80%	0	(0)	0	(0)
Nicaragua	18	0.95	72%	0	(0)	0	(0)
Panama	7	0.81	86%	0	(0)	0	(0)
Paraguay	20	1.13	70%	0	(0)	0	(0)
Peru – Pérou	69	0.87	72%	0	(0)	0	(0)
Uruguay	3	0.42	0%	0	(0)	0	(0)
United States of America – Etats-Unis d'Amérique	ND			0	(0)	0	(0)
Venezuela (Bolivarian Republic of) – Venezuela (République bolivarienne du)	29	0.39	90%	0	(0)	0	(0)

* These countries have been grouped together for reporting purposes. — Ces pays ont été regroupés dans le but de déclarer des cas.

Eastern Mediterranean Region — Région de la Méditerranée orientale (EMR)

Afghanistan	1 245	8.52	93%	24	(24) ⁷	31	(31) ⁷
Bahrain – Bahreïn	6	3.42	83%	0	(0)	0	(0)
Djibouti	2	0.96	50%	0	(0)	0	(0)
Egypt – Egypte	993	3.88	94%	0	(0)	0	(0)
Iran (Islamic Republic of) – Iran (République islamique d')	448	2.94	86%	0	(0)	0	(0)
Iraq	334	2.91	90%	0	(0)	0	(0)
Jordan – Jordanie	28	1.42	93%	0	(0)	0	(0)
Kuwait – Koweït	17	2.76	82%	0	(0)	0	(0)
Lebanon – Liban	6	0.54	50%	0	(0)	0	(0)
Libyan Arab Jamahiriya – Jamahiriya arabe libyenne	37	2.11	100%	0	(0)	0	(0)
Morocco – Maroc	97	1.17	75%	0	(0)	0	(0)
Oman	16	2.39	94%	0	(0)	0	(0)
Pakistan	4 229	5.87	91%	76	(76) ⁷	117	(117) ⁷
Qatar	4	2.01	100%	0	(0)	0	(0)
Saudi Arabia – Arabie saoudite	155	2.16	94%	0	(0)	0	(0)
Somalia – Somalie	138	3.45	99%	0	(0)	0	(0)
Sudan – Soudan	537	2.77	93%	45	(45) ⁶	26	(26) ⁶
Syrian Arab Republic – République arabe syrienne	176	2.15	92%	0	(0)	0	(0)
Tunisia – Tunisie	30	1.38	87%	0	(0)	0	(0)
United Arab Emirates – Emirats arabes unis	16	1.83	88%	0	(0)	0	(0)
West Bank and Gaza Strip – Cisjordanie et bande de Gaza	18	1.22	100%	0	(0)	0	(0)
Yemen – Yémen	327	3.51	94%	0	(0)	0	(0)

European Region — Région européenne (EUR)

Albania – Albanie	7	0.95	100%	0	(0)	0	(0)
Andorra – Andorre	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Armenia – Arménie	7	1.32	100%	0	(0)	0	(0)
Austria – Autriche	4	0.36	25%	0	(0)	0	(0)
Azerbaijan – Azerbaïdjan	36	1.94	94%	0	(0)	0	(0)
Belarus – Bélarus	40	3.16	100%	0	(0)	0	(0)
Belgium – Belgique	5	0.33	0%	0	(0)	0	(0)
Bosnia and Herzegovina – Bosnie-Herzégovine	2	0.36	0%	0	(0)	0	(0)
Bulgaria – Bulgarie	12	1.31	100%	0	(0)	0	(0)
Croatia – Croatie	1	0.16	100%	0	(0)	0	(0)
Cyprus – Chypre	1	0.69	100%	0	(0)	0	(0)
Czech Republic – République tchèque	9	0.70	100%	0	(0)	0	(0)
Denmark – Danemark	ND			0	(0)	0	(0)
Estonia – Estonie	1	0.57	100%	0	(0)	0	(0)
Finland – Finlande	ND			0	(0)	0	(0)
France	ND			0	(0)	0	(0)
Georgia – Georgie	11	1.53	100%	0	(0)	0	(0)

Country/area Pays/territoire	Performance of AFP surveillance, 2009 Fonctionnement de la surveillance de la PFA, 2009			Polio cases Cas de poliomyélite			
	AFP cases reported ¹ Cas de PFA signalés ¹	Annualized non-polio myelitis AFP rate ² Taux de PFA non poliomyélique annuel ²	AFP cases with adequate specimens ³ Cas de PFA avec échantillons conformes ³	2009 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2009 (virus sauvage) ⁴		2008 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2008 (virus sauvage) ⁴	
Germany – Allemagne	51	0.50	31%	0	(0)	0	(0)
Greece – Grèce	15	1.07	67%	0	(0)	0	(0)
Hungary – Hongrie	6	0.44	0%	0	(0)	0	(0)
Iceland – Islande	ND			0	(0)	0	(0)
Ireland – Irlande	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Israel – Israël	14	0.84	21%	0	(0)	0	(0)
Italy – Italie	38	0.53	68%	0	(0)	0	(0)
Kazakhstan	78	2.64	100%	0	(0)	0	(0)
Kyrgyzstan – Kirghizistan	10	0.69	100%	0	(0)	0	(0)
Latvia – Lettonie	4	1.38	100%	0	(0)	0	(0)
Lithuania – Lituanie	9	1.85	100%	0	(0)	0	(0)
Luxembourg	ND			0	(0)	0	(0)
Malta – Malte	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Moldova (Republic of) – Moldavie (République de)	7	1.07	86%	0	(0)	0	(0)
Monaco	ND			0	(0)	0	(0)
Montenegro – Monténégro	1	0.89	100%	0	(0)	0	(0)
Netherlands – Pays-Bas	ND			0	(0)	0	(0)
Norway – Norvège	3	0.38	0%	0	(0)	0	(0)
Poland – Pologne	31	0.57	48%	0	(0)	0	(0)
Portugal	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Romania – Roumanie	11	0.38	100%	0	(0)	0	(0)
Russian Federation – Fédération de Russie	297	1.56	94%	0	(0)	0	(0)
San Marino – Saint Marin	ND			0	(0)	0	(0)
Serbia – Serbie	15	0.90	87%	0	(0)	0	(0)
Slovakia – Slovaquie	2	0.26	50%	0	(0)	0	(0)
Slovenia – Slovénie	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Spain – Espagne	17	0.31	24%	0	(0)	0	(0)
Sweden – Suède	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Switzerland – Suisse	6	0.58	33%	0	(0)	0	(0)
Tajikistan – Tadjikistan	30	1.35	87%	0	(0)	0	(0)
The former Yugoslav Republic of Macedonia – Ex-République yougoslave de Macédoine	5	1.45	100%	0	(0)	0	(0)
Turkey – Turquie	121	0.64	72%	0	(0)	0	(0)
Turkmenistan – Turkménistan	23	1.72	96%	0	(0)	0	(0)
Ukraine	86	1.47	94%	0	(0)	0	(0)
United Kingdom – Royaume-Uni	ND			0	(0)	0	(0)
Uzbekistan	74	0.96	97%	0	(0)	0	(0)
South-East Asia Region — Asie du Sud-Est (SEAR)							
Bangladesh	1 295	2.33	94%	0	(0)	0	(0)
Bhutan – Bhoutan	1	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Democratic People's Republic of Korea – République populaire démocratique de Corée	80	1.15	100%	0	(0)	0	(0)
India – Inde	41 111	9.53	84%	568	(568) ⁷	559	(559) ⁷
Indonesia – Indonésie	1 347	2.35	88%	0	(0)	0	(0)
Maldives	4	2.54	50%	0	(0)	0	(0)
Myanmar	367	1.87	96%	0	(0)	0	(0)
Nepal – Népal	380	3.81	88%	0	(0)	6	(6) ⁶
Sri Lanka	61	1.09	74%	0	(0)	0	(0)
Thailand – Thaïlande	180	1.48	74%	0	(0)	0	(0)
Timor-Leste	1	0.23	100%	0	(0)	0	(0)
Western Pacific Region — Pacifique occidental (WPR)							
Australia – Australie	34	0.96	41%	0	(0)	0	(0)
Brunei Darussalam – Brunéi Darussalam	0	0.00	0%	0	(0)	0	(0)
Cambodia – Cambodge	57	1.22	81%	0	(0)	0	(0)
China – Chine	3 472	1.44	90%	0	(0)	0	(0)
Hong Kong SAR – Hong Kong, RAS	8	1.03	63%	0	(0)	0	(0)
Japan – Japon	ND			0	(0)	0	(0)
Lao People's Democratic Republic – République démocratique populaire lao	34	1.71	74%	0	(0)	0	(0)
Macao SAR – Macao, RAS	1	1.16	100%	0	(0)	0	(0)
Malaysia – Malaisie	63	0.77	73%	0	(0)	0	(0)
Mongolia – Mongolie	4	0.58	100%	0	(0)	0	(0)
New Zealand – Nouvelle-Zélande	7	0.90	43%	0	(0)	0	(0)
Pacific Island countries – Iles du Pacifique*	15	1.73	60%	0	(0)	0	(0)
Papua New Guinea – Papouasie-Nouvelle-Guinée	31	1.38	39%	0	(0)	0	(0)
Philippines	460	1.59	65%	0	(0)	0	(0)

Country/area Pays/territoire	Performance of AFP surveillance, 2009 Fonctionnement de la surveillance de la PFA, 2009			Polio cases Cas de poliomyélite			
	AFP cases reported ¹ Cas de PFA signalés ¹	Annualized non-poliomyelitis AFP rate ² Taux de PFA non poliomyéлитique annuel ²	AFP cases with adequate specimens ³ Cas de PFA avec échantillons conformes ³	2009 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2009 (virus sauvage) ⁴		2008 confirmed (wild poliovirus) ⁴ Confirmé en 2008 (virus sauvage) ⁴	
Republic of Korea – République de Corée	13	0.18	100%	0	(0)	0	(0)
Singapore – Singapour	4	0.66	100%	0	(0)	0	(0)
Viet Nam	240	0.84	95%	0	(0)	0	(0)

* These countries have been grouped together for reporting purposes. – Ces pays ont été regroupés dans le but de déclarer des cas.

¹ The Eastern Mediterranean, European, South-East Asia and Western Pacific regions report by date of onset of AFP. The other 2 regions report by date of notification. – Les régions d'Asie du Sud-Est, d'Europe, de la Méditerranée orientale et du Pacifique occidental signalent selon la date d'apparition de la PFA. Les 2 autres régions signalent selon la date de notification.

² Annualized non-poliomyelitis AFP rate for 100 000 population aged <15 years. – Taux annualisé de PFA non poliomyéлитique pour 100 000 personnes âgées de <15 ans.

³ Defined as 2 stool specimens collected within 14 days of onset of paralysis, 24–48 hours apart, except for the Region of the Americas, where only 1 specimen is collected. – Défini comme 2 échantillons de selles recueillis à 24-48 heures d'intervalle dans les 14 jours suivant l'apparition de la paralysie, à l'exception de la Région des Amériques, où 1 seul échantillon est recueilli.

⁴ Figures in parentheses indicate the number of laboratory-confirmed cases. Confirmed cases include both wild poliovirus cases and circulating vaccine-derived polioviruses. – Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de cas confirmés en laboratoire. Les cas confirmés comprennent à la fois les cas de poliovirus sauvages et les poliovirus circulants dérivés de la souche vaccinale.

⁵ The difference between the number of polio cases and the number of wild polioviruses is due to circulating vaccine-derived poliovirus. – La différence entre le nombre de cas de polio et le nombre de poliovirus sauvages est due au poliovirus circulant dérivé d'une souche vaccinale.

⁶ Country with imported virus. – Pays où un virus a été importé.

⁷ Endemic country. – Pays d'endémie.

ND – Country not reporting data – Pays ne signalant pas de cas AFP.

The most recent AFP and wild poliovirus data can be found on the WHO web site at: http://www.who.int/immunization_monitoring/en/diseases/poliomyelitis/case_count.cfm, which is updated every 2 weeks. – Les données les plus récentes concernant les cas de PFA et les poliovirus sauvages peuvent être consultées sur le site OMS suivant: http://www.who.int/immunization_monitoring/en/diseases/poliomyelitis/case_count.cfm, où elles sont mises à jour une fois toutes les 2 semaines.

How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW SERVER: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address: <http://www.who.int/wer/>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the WER, together with other short epidemiological bulletins. To subscribe, send a message to listserv@who.int. The subject field should be left blank and the body of the message should contain only the line subscribe wer-reh. A request for confirmation will be sent in reply.

Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer/>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du REH ainsi que d'autres bulletins épidémiologiques. Pour vous abonner, merci d'envoyer un message à listserv@who.int en laissant vide le champ du sujet. Le texte lui-même ne devra contenir que la phrase suivante: subscribe wer-reh.

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

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

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

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

Accès WWW • <http://www.who.int/wer/>

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

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

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