



Contents

- 505 Report of the 7th Meeting of the WHO working group on polymerase chain reaction protocols for detection and subtyping of influenza viruses, Geneva, June 2014

Sommaire

- 505 Rapport de la septième réunion du groupe de travail de l'OMS sur les protocoles de PCR applicables à la détection et au sous-typage des virus grippaux, Genève, juin 2014

Report of the 7th Meeting of the WHO working group on polymerase chain reaction protocols for detection and subtyping of influenza viruses, Geneva, June 2014

The use of RT-PCR in the surveillance, characterization and diagnosis of influenza

The WHO working group on polymerase chain reaction protocols for detecting and subtyping influenza viruses (the PCR working group) was set up in 2007 to serve as an expert technical group providing guidance to WHO on the use of the reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) assay in the context of the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS). Representatives from WHO Collaborating Centres (WHO CCs) on influenza, WHO H5 Reference Laboratories, Essential Regulatory Laboratories (ERLs), National influenza Centres (NICs), and from the World Organisation for Animal Health–United Nations Food and Agriculture Organization Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU) met on 19–20 June 2014. The participants reported on specific developments and actions taken since the previous meeting and reviewed new PCR developments and materials on the Influenza Reagent Resource (IRR), gaps in the PCR protocols currently recommended by WHO, quality control issues and the need to adjust the current WHO External Quality Assessment Programme (EQAP), protocols for the detection of respiratory syncytial virus (RSV), and the functions and operational procedures of the PCR working group.

RT-PCR is increasingly the first-choice laboratory assay for diagnosing and monitoring influenza virus infections. Therefore, it is essential that the sensitivity and utility of this assay in detecting evolving viruses are maintained, and that laboratories continue to be supported in their efforts to comply with recommended good operating practices. The PCR working group was initially established to advise on the use of RT-PCR within GISRS, particularly in relation to influenza A(H5N1) zoonoses. The scope of the group has since expanded, covering the use of RT-PCR to detect outbreaks of H5 and other non-seasonal influenza A subtypes, to differentiate influenza B lineages, to play a role in routine seasonal surveillance and diagnostics, and to

Rapport de la septième réunion du groupe de travail de l'OMS sur les protocoles de PCR applicables à la détection et au sous-typage des virus grippaux, Genève, juin 2014

Utilisation de la RT-PCR pour la surveillance, la caractérisation et le diagnostic de la grippe.

Le groupe de travail de l'OMS sur les protocoles de PCR applicables à la détection et au sous-typage des virus grippaux (groupe de travail sur la PCR) a été établi en 2007 en tant que groupe technique d'experts chargé de donner à l'OMS des orientations sur l'utilisation des essais d'amplification génique après transcription inverse (RT-PCR) dans le cadre du Système mondial OMS de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS). Des représentants de centres collaborateurs de l'OMS pour la grippe, de laboratoires de référence H5 de l'OMS, de laboratoires essentiels de réglementation, de Centres nationaux de la grippe (CNG) et du Réseau mondial d'experts de la grippe animale de l'Organisation mondiale de la Santé animale/Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OFFLU) se sont réunis les 19 et 20 juin 2014. Les participants ont présenté des rapports sur les développements spécifiques et les mesures prises depuis la réunion précédente et ont examiné les nouveaux développements et matériels de PCR sur l'IRR («Influenza Reagent Resource»), les lacunes dans les protocoles de PCR actuellement recommandés par l'OMS, les questions de contrôle de la qualité et la nécessité d'ajuster le Programme OMS d'évaluation externe de la qualité (EQAP), les protocoles de détection du virus respiratoire syncytial (VRS), ainsi que les fonctions et procédures opérationnelles du groupe de travail sur la PCR.

La RT-PCR devient de plus en plus l'essai de premier choix en laboratoire pour diagnostiquer et surveiller les infections à virus grippal. Il est donc essentiel de maintenir la sensibilité et l'utilité de l'essai pour déceler des virus en constante évolution et de continuer à soutenir les laboratoires dans leurs efforts pour se conformer aux bonnes pratiques opérationnelles recommandées. Le groupe de travail sur la PCR a été créé à l'origine pour donner des avis sur l'utilisation de la RT-PCR au sein du GISRS, en particulier en relation avec les zoonoses à virus grippal A(H5N1). Le champ d'activité du groupe s'est depuis lors élargi pour couvrir le recours à la RT-PCR pour détecter les flambées à virus grippal H5 et à virus d'autres sous-types A non saisonniers, pour distinguer les lignées des virus

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

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

11.2014
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

conduct RT-PCR quality assurance activities and provide advice on the WHO EQAP.

Activities of OFFLU

Continuing outbreaks of highly pathogenic avian influenza (HPAI) viruses were noted. Between January 2013 and June 2014, 270 outbreaks of HPAI viruses were detected worldwide, the majority of which occurred in Mexico, Nepal, Republic of Korea, and Viet Nam. In the same period there were 104 outbreaks of low pathogenic avian influenza (LPAI) viruses, the majority occurring in China and South Africa. However, the latter number is likely to be a large underestimation as LPAI virus infections do not elicit overt clinical symptoms and are usually detected by chance. These observations highlight the need for continued vigilance in the animal sector.

An OFFLU ring trial was conducted in 2013 using samples prepared and shipped by the US Department of Agriculture National Veterinary Services Laboratory, IA. Nine World Organisation for Animal Health (OIE) reference laboratories/Food and Agriculture Organization of the UN (FAO) reference centres and 11 regional or national laboratories took part. The results showed that, compared to regional laboratories, there was less variation in cycle threshold values between FAO/OIE laboratories. However, a trend was observed whereby laboratories whose assays were most sensitive generated a greater number of false positives. Further, it was noted that all reference laboratories must be able to detect all subtypes and a low-density real-time RT-PCR assay detecting all 16 haemagglutinins and 9 neuraminidases has been developed and submitted for publication.

Review of sequencing and isolation protocols leading up to vaccine composition meetings (VCMs)

There was discussion on the timeliness of sharing specimens with WHO CCs before the twice-yearly VCM meetings. It was suggested that a threshold number of specimens could be introduced at which, once reached, the NIC would initiate a shipment of all samples. This could help prevent a large number of specimens being shipped just prior to a VCM meeting, thereby reducing the pressure on the receiving WHO CC. Further, NICs should be encouraged to sequence influenza haemagglutinin genes in more original specimens, deposit sequences in a suitable database in a timely manner and/or send specimens/viruses and sequences to a WHO CC to facilitate preparations for the VCMs.

Review of EQAPs and good laboratory practice (GLP) surveys

Following zoonoses of HPAI H5N1 in China and Viet Nam in 2003 and subsequent endemicity in poultry in some countries of the 3 WHO Regions, the EQAP programme was initiated in 2007 as an *external quality assessment programme for the detection of influenza virus type A by PCR with a focus on H5 detection*. In 2010, the programme was extended to include influenza B. Outcomes of the 2013 EQAP revealed no common cause related to the reporting of incorrect results; however, the failure to correctly subtype H5 was in part due to primer/probe mismatches. Laboratories that regularly validated their primers and reagents generally performed better than those that did not. The comparability of results from External Quality Assessment (EQA) panels between years was discussed, but without consistency in panel composition and preparation methodology, comparison is difficult. A common baseline is needed to allow comparisons between years.

GLP surveys were conducted in 2010 and 2012 and the results of the 2012 panel showed that the majority of WHO

grippaux B, pour jouer un rôle dans la surveillance en routine et les diagnostics de la grippe saisonnière, ainsi que pour mener les activités d'assurance de la qualité de la RT-PCR et donner des avis au Programme EQAP de l'OMS.

Activités à l'OFFLU

Des flambées de grippe aviaire à virus hautement pathogène ont été continuellement observées. De janvier 2013 à juin 2014, 270 flambées avec des virus de ce type ont été recensées dans le monde, en majorité au Mexique, au Népal, en République de Corée et au Viet Nam. Dans le même temps, il y a eu 104 flambées de grippe aviaire à virus faiblement pathogène, se produisant en majorité en Chine et en Afrique du Sud. Il est probable cependant que ce chiffre soit largement sous-estimé car les infections par ce type de virus ne provoquent pas de symptômes cliniques patents et sont en général détectés par hasard. Toutes ces observations soulignent la nécessité d'une vigilance continue dans le secteur animal.

Un essai interlaboratoires de l'OFFLU a été organisé en 2013 avec des échantillons préparés et expédiés par le laboratoire des Services vétérinaires nationaux du Ministère de l'Agriculture des États-Unis, IA. Neuf laboratoires de référence de l'Organisation mondiale de la Santé animale (OIE)/centres de référence de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) et 11 laboratoires régionaux ou nationaux y ont pris part. Les résultats ont montré que par rapport aux laboratoires régionaux il y avait moins de variations dans les valeurs de cycle seuil entre les laboratoires FAO/OIE. En revanche, on a observé une tendance selon laquelle les laboratoires dont les essais sont les plus sensibles produisent un plus grand nombre de faux positifs. De plus, il a été noté que tous les laboratoires de référence doivent être capables de détecter tous les sous-types et qu'un essai de RT-PCR en temps réel à faible densité décelant les 16 hémagglutinines et les 9 neuraminidases a été mis au point et présenté pour publication.

Examen des protocoles de séquençage et d'isolement aboutissant aux réunions sur la composition des vaccins

La rapidité des échanges d'échantillons entre les centres collaborateurs de l'OMS avant les réunions semestrielles sur la composition des vaccins a été abordée. Il a été proposé d'introduire un nombre seuil d'échantillons qui, une fois atteint, déclencherait l'envoi par le CNG de tous les échantillons. On pourrait ainsi éviter qu'un grand nombre d'échantillons ne soient envoyés juste avant la réunion et réduire la pression subie par le centre collaborateur de l'OMS à qui ils sont destinés. De plus, il faut encourager les CNG à séquencer les gènes des hémagglutinines grippales sur des échantillons plus précoces, à déposer les séquences dans une base de données à cet effet en temps utile et/ou envoyer les échantillons/virus et séquences à un centre collaborateur de l'OMS pour faciliter la préparation de ces réunions.

Examen des EQAP et enquêtes sur les bonnes pratiques de laboratoire (BPL)

Suite aux zoonoses à virus H5N1 hautement pathogène en Chine et au Viet Nam en 2003 et à l'endémicité qui en a découlée dans les populations de volailles de certains pays dans 3 Régions de l'OMS, le Programme EQAP a été lancé en 2007 en tant que *Programme d'évaluation externe de la qualité pour la détection des virus grippaux de type A par PCR et, plus particulièrement la détection des virus H5*. En 2010, le programme a été élargi aux virus grippaux B. Les résultats de l'exercice en 2013 n'ont pas mis à jour de causes communes à la transmission de résultats erronés: en revanche, l'échec du sous-typage correct de H5 a été en partie dû à de mauvais appariements au niveau des amorces et des sondes. Les laboratoires validant régulièrement leurs amorces et leurs réactifs ont en général donné de meilleurs résultats que ceux qui ne le font pas. La comparabilité des résultats des batteries d'essais entre les différentes années a été discutée, mais en l'absence de cohérence dans la composition de ces batteries et la méthode de préparation, les comparaisons sont difficiles. Une base commune de référence est nécessaire pour permettre des comparaisons entre les années.

Des enquêtes sur les BPL ont été menées en 2010 et 2012 et les résultats de la batterie de 2012 ont montré que la majorité des

EQAP participants had adopted elements of GLP in the molecular diagnosis of influenza and made improvements in numerous areas. Regular reagent validation and primer evaluation are areas identified as requiring further enhancement.

The results of an EQA conducted in Europe showed that, in general, molecular detection capabilities were good across the region. There was an increase in the number of laboratories that could discriminate influenza B viruses and, in terms of virus isolation, 78% of laboratories isolated all samples while 9 laboratories accounted for 16 false negatives. This indicates that a minority of laboratories accounted for the majority of errors. To help solve this problem, targeted support and training will be offered. Future plans include an annual molecular EQA and a culture EQA every 2 years.

The value of EQAs and the efforts behind them were greatly appreciated. Possible modifications to the global WHO EQAP were discussed, such as the inclusion of high viral load specimens to assess implementation of good practices and barriers against cross-contamination, and phenotypic testing for neuraminidase inhibitor susceptibility. The need for virus isolation EQA panels in the global WHO EQAP was raised and should be discussed further.

Emerging viruses, RSV and the role of GISRS

The recent emergence of the H7N9 influenza virus and Middle East Respiratory Syndrome coronavirus (MERS CoV) has emphasized the need for vigilance and investment in pandemic preparedness worldwide. To assess the preparedness, expertise and needs of laboratories in the European region, a pre-training course questionnaire was circulated across the region, and 56 laboratories responded. Half of the laboratories reported using in-house RT-PCR assays whilst the remainder used kits from GISRS, although these kits were not intended for diagnostic applications. Thirty laboratories indicated a need for training in validation, 22 for quality improvement.

Extending the remit of the GISRS network to include RSV surveillance was discussed in the context of a new RSV vaccine becoming available in the foreseeable future. This initiative, together with surveillance of other respiratory pathogens, needs to be carefully considered as the GISRS network was established to study influenza specifically. Due to differences in the epidemiology of influenza viruses, RSV and other respiratory pathogens, surveillance needs will vary. Further, unlike influenza virus, there is no requirement for seasonal vaccines for RSV and many other agents. There is a need to collect existing data on a global level for RSV and other respiratory disease agents, regarding transmission and caseload in different regions, and to consult with appropriate experts to avoid interference with the influenza-related activities of GISRS.

The results of a questionnaire conducted in western European countries showed that 69% of laboratories routinely test for other pathogens and 33% routinely test cases of influenza-like illness (ILI) for other pathogens. Further, 71.4% of countries surveyed were willing to report data collected on other pathogens and 55% of countries already testing for other pathogens had established multiplex PCR protocols. Constraints to implementation include limited finance, time and trained personnel.

GISRS PCR protocols and reagents

The H7 RT-PCR diagnostic kit developed by the National Institute for Infectious Diseases, Tokyo, which was supplied to 74 public health institutes and 16 quarantine laboratories in Japan, was also discussed. This kit and positive control RNA from A/Anhui/1/2013 (H7N9) were supplied on request to NICs in Indonesia, Iran, Mongolia, Myanmar and Viet Nam.

participants à l'EQAP de l'OMS avaient adopté des éléments des BPL pour le diagnostic moléculaire de la grippe et avaient fait des progrès dans de nombreux domaines. La validation régulière des réactifs et l'évaluation des amorces sont les domaines qui, d'après ce qui a été constaté, doivent encore être renforcés.

Les résultats d'une évaluation externe de la qualité menée en Europe ont montré qu'en général, les capacités de détection moléculaire sont bonnes dans cette Région. Il y a eu une augmentation du nombre des laboratoires capables de distinguer les virus grippaux B et, en termes d'isolement des virus, 78% des établissements ont isolé tous les échantillons, tandis que 9 laboratoires ont donné 16 faux négatifs. Cela signifie qu'une minorité de laboratoires est à l'origine de la majorité des erreurs. Pour aider à résoudre ce problème, un appui ciblé et une formation seront offerts. Les plans futurs prévoient une évaluation externe de la qualité annuelle pour l'analyse moléculaire et tous les 2 ans pour les cultures.

L'utilité des évaluations externes de la qualité et les efforts qui les sous-tendent sont très appréciés. Des modifications possibles à apporter au programme mondial de l'OMS ont été discutées, comme par exemple l'inclusion d'échantillons à forte charge virale pour évaluer les bonnes pratiques et les barrières empêchant les contaminations croisées, ainsi que des tests phénotypiques de sensibilité aux inhibiteurs de la neuraminidase. La nécessité de batteries pour l'évaluation externe de la qualité des isolements de virus par le programme mondial EQAP de l'OMS a été évoquée et devrait être discutée de manière plus approfondie.

Virus émergents, VRS et rôle du GISRS

L'apparition récente du virus grippal H7N9 et du coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) a mis en évidence la nécessité d'être vigilant et d'investir dans la préparation à une pandémie dans le monde entier. Pour évaluer l'état de préparation, l'expertise et les besoins des laboratoires dans la Région européenne, un questionnaire préalable à un cours de formation a été diffusé dans la Région et 56 laboratoires y ont répondu. La moitié a indiqué utiliser des essais «maison» de RT-PCR et les autres des kits du GISRS, bien que ceux-ci ne soient pas destinés à des applications diagnostiques. Trente laboratoires ont mentionné un besoin de formation à la validation et 22 à l'amélioration de la qualité.

L'élargissement de la mission du GISRS pour y inclure la surveillance du VRS a été discuté dans le contexte d'un nouveau vaccin anti-VRS devenant disponible dans un avenir prévisible. Cette initiative, avec la surveillance d'autres agents pathogènes des voies respiratoires, doit être étudiée attentivement, le GISRS ayant été créé spécifiquement pour l'étude de la grippe. En raison des différences dans l'épidémiologie des virus grippaux, du VRS et d'autres agents pathogènes des voies respiratoires, les besoins varieront en matière de surveillance. De plus, à la différence des virus grippaux, il n'y a pas besoin de vaccins saisonniers pour le VRS et de nombreux autres agents. Il est nécessaire de rassembler les données existantes au niveau mondial sur le VRS et d'autres agents pathogènes des voies respiratoires, sur leur transmission, sur le nombre de cas dans les différentes Régions, et de consulter les experts compétents pour éviter des interférences avec les activités du GISRS en rapport avec la grippe.

Les résultats d'un questionnaire posé dans les pays d'Europe de l'Ouest ont montré que 69% des laboratoires font régulièrement les tests pour la recherche d'autres agents pathogènes et 33% le font pour les cas de syndrome grippal. De plus, 71,4% des pays ayant répondu à l'enquête étaient disposés à transmettre les données recueillies sur les autres agents pathogènes et 55% recherchant déjà d'autres agents pathogènes avaient établi des protocoles de PCR multiplex. La mise en œuvre se heurte à des limitations rencontrées au niveau du financement, du temps ou du personnel qualifié.

Protocoles et réactifs de PCR du GISRS

Les participants ont également discuté du kit de diagnostic de H7 par RT-PCR mis au point par l'Institut national des maladies infectieuses à Tokyo, fourni à 74 instituts de santé publique et 16 laboratoires de quarantaine au Japon. Ce kit et le témoin positif d'ARN provenant d'A/Anhui/1/2013 (H7N9) ont été fournis sur demande aux CNG d'Indonésie, d'Iran, de Mongolie, du Myanmar et du Viet Nam.

Influenza B genotyping panels to distinguish between influenza B lineages are now available, and there has been an update of the influenza A H5 Asian lineage subtyping panel to improve reactivity for H5a and H5b assays to detect all clades of HPAI Eurasian lineage H5N1 influenza.

The availability and distribution of RT-PCR kits and pooled influenza positive control material from the US Centers for Disease Control and Prevention (CDC), was discussed. These materials can be ordered through the IRR website.¹ The CDC sharepoint site for laboratory support for influenza surveillance² was also discussed. This website enables public health and research laboratories to access multiple assays, procedures and methods, facilitates coordinated communication with registered laboratories and provides timely notification of assay updates.

Review of the potential utility of multiplex assays and next-generation sequencing within the GISRS

Multiplex assays were discussed as a potential method for cutting costs as several targets can potentially be amplified in a single reaction. It was agreed that, to help minimize the problem of competition, a "mini-multiplex" assay of 4 targets at most per reaction would be best. It was agreed that an outcome of this meeting should be the collection and assessment of multiplex assay protocols for the detection of influenza viruses.

There was discussion of next-generation sequencing and its potential use within the GISRS. This technology is currently used primarily for research but it has potential to be broadly applied to diagnostics and detection. Next-generation sequencing yields a large amount of data, requiring substantial analysis and interpretation. Therefore, limited access to appropriate analysis pipelines and bioinformaticians could cause significant bottlenecks. As next-generation sequencing does not require the use of specific primers, it could be useful in identifying novel influenza viruses where specific primers or probes have not been developed or validated. In summary, next-generation sequencing is a promising technology but more development is needed before the network can make use of it.

Conclusions

Molecular techniques have become the first line of detection in most instances at the expense of influenza virus isolation. However, antigenic characterization of virus isolates supported by sequencing is necessary for strain selection for the seasonal influenza vaccines. Concerns regarding loss of virus isolation skills will be further addressed following analysis of results from an NIC survey, with NICs being reminded about the importance of isolation as stated in their terms of reference.

Enhanced capacity and capabilities within the GISRS laboratories will yield better influenza surveillance data and provide opportunities to play supporting roles in the surveillance of other respiratory pathogens. However, the core role of the PCR working group "to provide guidance to GISRS laboratories on PCR function" will remain. The working group will continue to provide advice and guidance on PCR EQA and will evaluate new technologies to determine whether they are sufficiently developed to be included in GISRS. The potential role of the GISRS network in conducting RSV surveillance requires more consideration and research. GISRS members will continue to meet annually and invite experts from other fields, such as bioinformatics, high throughput sequencing or technology development, as required. ■

Il existe désormais des panels de génotypage de la grippe B pour distinguer les différentes lignées et il y a eu une actualisation du panel de sous-typage de la lignée asiatique de grippe A H5 pour améliorer la réactivité des essais pour H5a et H5b afin de détecter tous les clades de virus grippaux eurasiens de lignée H5N1 hautement pathogènes.

Les participants ont discuté de la disponibilité des kits de RT-PCR et des témoins positifs groupés pour la grippe et de leur distribution par les *Centers for Disease Control and Prevention* des États-Unis (CDC). On peut commander ces matériels en ligne sur le site de l'IRR.¹ Ils se sont également intéressés au site des CDC pour les échanges d'informations aidant les laboratoires pour la surveillance de la grippe.² Celui-ci permet aux laboratoires de santé publique et de recherche d'accéder à de multiples essais, procédures et méthodes, facilite une communication coordonnée avec les laboratoires enregistrés et donne en temps utile des notifications sur les actualisations des essais.

Examen de l'utilité potentielle des essais multiplex et du séquençage de nouvelle génération au sein du GISRS

Les essais multiplex ont été étudiés comme méthode potentielle de réduction des coûts en donnant la possibilité d'amplifier plusieurs cibles au cours d'une seule réaction. Les participants ont reconnu que, pour aider à réduire le plus possible le problème de compétition, un essai «mini-multiplex» portant au plus sur 4 cibles par réaction serait le mieux. Il a été décidé qu'un des résultats de cette réunion devait être la collecte et l'évaluation de protocoles d'essais multiplex pour la détection des virus grippaux.

Le séquençage de nouvelle génération et son utilisation potentielle au sein du GISRS ont été discutés. Cette technologie est pour l'instant principalement utilisée pour la recherche mais a le potentiel d'être appliquée largement aux diagnostics et à la détection. Le séquençage de nouvelle génération produit un grand nombre de données nécessitant une analyse et une interprétation substantielles. C'est pourquoi l'accès limité aux filières d'analyses appropriées et aux bio informaticiens pourrait entraîner des blocages importants. Comme le séquençage de nouvelle génération ne requiert pas d'utiliser des amorces spécifiques, il pourrait être utile pour identifier de nouveaux virus grippaux pour lesquels des amorces ou sondes spécifiques n'ont pas encore été mises au point ou validées. En bref, il s'agit là d'une technologie prometteuse qui doit être davantage développée avant que le réseau puisse y avoir recours.

Conclusions

Dans la plupart des cas, on fait désormais appel en premier aux techniques moléculaires plutôt qu'à l'isolement pour détecter les virus grippaux. Néanmoins, la caractérisation antigénique des virus isolés, s'appuyant sur le séquençage, reste nécessaire pour sélectionner les souches destinées à la préparation des vaccins antigrippaux saisonniers. Les craintes concernant des pertes de compétences dans le domaine de l'isolement des virus devront être étudiées de plus près après l'analyse des résultats d'une enquête sur les CNG, en rappelant à ces établissements l'importance de l'isolement des virus, comme cela est énoncé dans leur mandat.

Le renforcement des capacités et des compétences au sein des laboratoires du GISRS produira de meilleures données pour la surveillance de la grippe et leur ouvrira la possibilité de jouer un rôle de soutien dans la surveillance d'autres agents pathogènes des voies respiratoires. Toutefois, le rôle essentiel du groupe de travail de la PCR, à savoir «donner des orientations aux laboratoires du GISRS sur la fonction de la PCR», demeurera. Le groupe de travail continuera à donner des avis et des orientations sur l'évaluation externe de la qualité de la PCR et évaluera les nouvelles technologies pour déterminer si elles ont atteint un stade de développement suffisant pour pouvoir être intégrées au GISRS. Le rôle potentiel de ce réseau dans la surveillance du VRS nécessite davantage d'études et de recherche. Les membres du GISRS continueront de se réunir une fois par an et d'inviter en fonction des besoins des experts dans d'autres domaines, comme la bio-informatique, le séquençage à haut débit ou le développement technologique. ■

¹ See www.influenzareagentresource.org

² See www.cdc.gov/flu/clsis

¹ Voir www.influenzareagentresource.org

² Voir www.cdc.gov/flu/clsis